

基于随机泛函的免疫进化算法收敛性及性能分析

徐雪松^{1,2}, 杨胜杰¹, 陈荣元^{1†}, 梁伟^{1,2}, 蒋伟进¹

(1. 湖南商学院 新零售虚拟现实技术湖南省重点实验室, 长沙 410205;

2. 湖南商学院 湖南省移动电子商务协同创新中心, 长沙 410205)

摘要: 分析基于免疫响应原理的免疫进化算法流程和运行机制. 根据免疫抗体群的状态转移过程, 研究免疫进化算法的马尔科夫随机过程, 并采用随机泛函分析算法的收敛性, 突破传统马尔科夫链方法对解空间较大问题分析的局限性. 根据免疫进化算法参数构成和抗体种群达到吸收态的转换特性, 采用泛函理论论证算法收敛速度估计、时间复杂度计算和参数选择原则. 通过实验总结影响免疫进化算法收敛性的关键因素, 为解空间较大及高维优化问题的免疫进化算法收敛性和性能分析提供可行方法.

关键词: 随机泛函; 免疫响应; 进化算法; 收敛性; 收敛速率

中图分类号: TP18 **文献标志码:** A

The convergence and performance analyses of immune evolutionary algorithm based on stochastic functional theory

XU Xue-song^{1,2}, YANG Sheng-jie¹, CHEN Rong-yuan^{1†}, LIANG Wei^{1,2}, JIANG Wei-jin¹

(1. Key Laboratory of Hu,nan Province for New Retail Virtual Reality Technology, Hu'nan University of Commerce, Changsha 410205, China; 2. Mobile E-business Collaborative Innovation Center of Hu'nan Province, Hu'nan University of Commerce, Changsha 410205, China)

Abstract: Based on the immune response principle and operation mechanism, an immune evolutionary algorithm is discussed. According to the state transfer process of immune antibodies and Markov stochastic process, the immune evolutionary algorithm convergence is analyzed by using the stochastic functional theory, which breaks the flaw of the traditional Markov chain method. The key factors that influencing the convergence rate and parameter selection principle are introduced by using functional theory and immune population state transformation process. Then the operation time complexity and the parameters are discussed through experiment comparison. The conclusion and theory developed in this paper shew new light on various practices and ideas employed by researches for larger and higher-dimensional optimization problem.

Keywords: stochastic functional; immune response; evolutionary algorithm; convergence; convergence rate

0 引言

自20世纪80年代, Farmer等^[1]率先提出免疫系统的动态模型后, Dasgupta^[2]和De Castro等^[3]相继提出人工免疫系统算法, 免疫进化计算开始成为人工智能领域研究的热点. 各种免疫算法或模型被相继提出^[4-8], 形成了免疫进化算法的基本框架, 并扩展了在工程领域的应用. 然而, 迄今为止, 对于免疫进化算法理论方面的分析与研究工作仍然较少. 肖人彬等^[9-12]相继研究了一系列人工免疫优化方法, 并给出了相关

算法的收敛性、复杂度和相关参数校验, 从理论到方法上均取得了较好的创新. 这些研究主要集中在对算法算子的改进和优化上, 通过实验方法从局部调整和提升算法的性能, 其研究角度主要还是以方法为驱动, 较少从问题角度出发研究和探讨免疫进化算法. 文献[13-16]结合Lamarck原理对仿生进化计算进行分析, 构造了基于神经免疫调节的Memetic计算模型, 从生物学基础上探讨了免疫算法机理, 为免疫进化算法研究提供了新的理论支持. 目前, 此类随

收稿日期: 2017-03-07; 修回日期: 2017-09-05.

基金项目: 国家自然科学基金项目(61772196); 国家社会科学基金项目(14BJY066); 湖南省自然科学基金项目(2016JJ2069).

责任编委: 孙秋野.

作者简介: 徐雪松(1978—), 男, 教授, 博士, 从事人工智能、智能决策优化等研究; 陈荣元(1976—), 男, 教授, 从事机器学习、智能图像处理等研究.

†通讯作者. E-mail: chenrongyuan@163.com

机迭代进化方法收敛性分析可分为如下几类: Vose-Liepins 模型^[17]、Markov 链模型、公理化模型^[18]、积分算子模型^[16]. 这些模型在种群规模无限的假设下可精确刻画过程,但在有限规模情形下只能描述其平均特性. 由于免疫进化算法下一代种群的状态通常依赖当前种群信息,而不依赖于以往状态,可用 Markov 链描述其渐近行为并分析其收敛性^[19-22]. 还有一些研究者发展了对于这类连续变量免疫算法收敛性的分析方法——连续积分算子模型^[23-24]. 文献 [25] 针对多目标优化的免疫系统算法,利用 Markov 链给出了其收敛性的完整证明. 文献 [26] 引入鞅方法分析了生物免疫遗传算法所形成种群的鞅性质,并由此得出算法强收敛性结论,针对免疫优化算法的收敛速度展开研究. 这些研究从不同角度探讨免疫算法基本原理和算子性质,并给出了收敛性证明. 经典的确定性算法大多是“问题依赖”的算法,设计算法的同时已经考虑了算法的时间复杂性分析,而进化算法是一类“问题独立”算法,通用性和易用性是算法设计时主要考虑的因素,其算法的计算复杂度理论分析很困难. 综合文献分析来看,对于一般收敛性的研究主要还是采用马尔可夫链展开研究^[27-29],大部分以时间趋于无穷为前提进行收敛性分析. 但算法与时间相关的计算复杂度问题更有利于算法定量分析,同时能够对算法效能的改进起到指导作用,但是目前这方面的研究仍然不完善.

本文在文献 [14] 提出的免疫响应算法的基础上,以人工免疫响应机制为出发点,进一步深入分析免疫进化算法的运行机理和相关算子特点. 在 Markov 链分析中运用随机泛函理论对免疫进化算法各算子特性进行分析,从理论角度给出相关算子及参数选择要求. 最后通过多组实验仿真给予验证,从而为这方面研究开拓一条新的思路.

1 免疫进化算法简介

生物免疫系统对外界入侵或刺激所产生的适应性免疫应答分为3个阶段,即感应阶段、反应阶段和效应阶段^[16]. 通过对生物系统免疫响应机制的简单模拟,所设计的免疫进化算法是一种确定性和随机性选择相结合的启发式随机搜索算法^[14],算法模型如图 1 所示. 算法模拟生物系统的抗体-抗原匹配机制,通过距离定义抗体-抗原的匹配程度或激励水平;通过克隆选择实现抗体群的克隆增殖;利用变异实现抗体的多样性,从而实现算法的自适应学习. 这种迭代进化过程,是由“抗体群-克隆选择-抗体变异-免疫记忆-抗体补充及淘汰-新抗体群”的迭代循环构成的

随机进化过程.

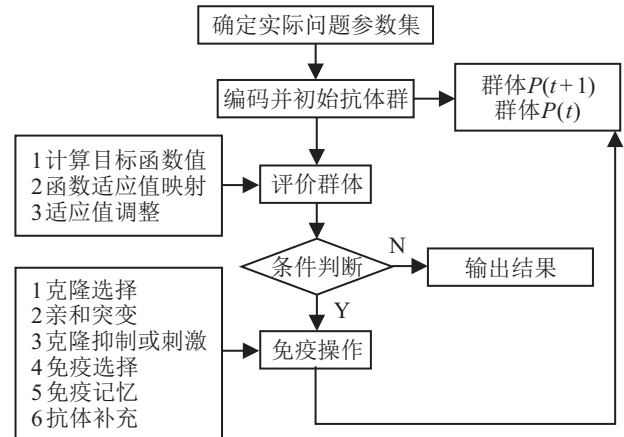


图 1 免疫进化算法模型

根据图 1 描述的算法模型, 设 A_g 为抗原, Ab 为抗体, S 为形态空间, L 为抗体抗原所处的形态空间的维数. $Ab \in S^{N \times L}$, 且 $Ab = Ab_{\{r\}} \cup Ab_{\{m\}}$, $r + m = N$. $Ab_{\{m\}}$ 为记忆细胞库, $Ab_{\{r\}}$ 为其余抗体群, $Ab_{\{d\}}$ 为补充抗体群, $Ab_{\{n\}}^j$ 为与抗原 A_{g_j} 亲和力最高的 n 个抗体, F_j 为 Ab 对抗原 A_{g_j} 亲和力函数. 当算法用于优化问题时, 每一个抗体 Ab_i 便对应目标函数 $g(\cdot)$ 的一个解, 即所求目标函数的最大值或最小值.

2 算法收敛性分析

由图 1 模型所描述的免疫进化算法可建模为一非齐次的马尔可夫随机过程. 随机过程 $\{Ab(t)\}_{t \geq 0}$ 构成一个离散时间的马尔可夫链.

定义 1 对于任意的初始分布,

$$\lim_{k \rightarrow \infty} \sum_{s_i \cap X \neq \emptyset} p\{Ab_k^i\} = 1 \quad (1)$$

称为算法收敛. 其中: S 为状态空间; s_i 为 S 中的某一状态, 且 $s_i \subseteq S$.

定义 1 表明, 当免疫进化算法通过多次迭代, 最终抗体群中包含全局最佳个优的概率接近于 1 时, 称为概率 1 收敛. 文献 [10, 27] 已证明该类马尔可夫链随机过程的收敛性, 但马尔可夫链一般根据转移矩阵的特性对算法趋向某一平稳分布进行分析, 对于解空间较大的问题, 要具体确定和分析转移矩阵十分困难. 本文采用随机泛函理论, 分析免疫算子性质及其随机映射过程, 进而阐述算法的理论收敛性.

2.1 免疫算子性质分析

免疫进化算法包括免疫克隆、免疫选择、免疫基因等基本算子操作. 其中, 免疫克隆操作 T_c^C 是一个 $S \rightarrow S^N$ 的确定性空间映射, 实现对抗体群空间的扩张; 免疫基因操作 T_g^C 是一个 $S^N \rightarrow S^N$ 的随机映射, 通过产生一群变异解提高抗体和抗原亲和度; 免疫选择操作 T_s^C 是一个 $S^N \rightarrow S$ 的随机映射, 通过局

部择优对抗体群规模进行压缩.正是通过这些免疫算子,将求解问题由低维空间映射到更高维的空间中进行计算,再将结果投影回低维空间,完成对问题的求解.以二进制编码为例,变异算子为

$$P\{a \rightarrow b\} = p_m^{\text{dis}(a,b)}(1 - p_m)^{l - \text{dis}(a,b)}. \quad (2)$$

抗体变异概率 p_m 取值一般小于 1,海明距离 $\text{dis}(a, b)$ 越小, $P\{a \rightarrow b\}$ 越大,表明抗体获得变异并提供抗体群多样性能力越强.设 q 为抗体克隆的规模,对于抗体 Ab_i ,克隆个体全为 b 的概率为

$$P_1\{\Phi(\text{Ab}_i) \rightarrow b\} = \prod_{i=1}^q P\{\text{Ab}_i \rightarrow b\} = (p_m^{\text{dis}(\text{Ab}_i,b)}(1 - p_m)^{l - \text{dis}(\text{Ab}_i,b)})^q. \quad (3)$$

在等概率事件下,抗体 Ab_i 克隆选择后的个体为 b 的概率为

$$P_2\{\Phi(\text{Ab}_i) \rightarrow b\} = \sum_{i=1}^q P\{\text{Ab}_i \rightarrow b\} = q \times (p_m^{\text{dis}(\text{Ab}_i,b)}(1 - p_m)^{l - \text{dis}(\text{Ab}_i,b)}). \quad (4)$$

克隆规模 q 越大, $P_1\{\Phi(\text{Ab}_i) \rightarrow b\}$ 越小,抗体分布越随机,其搜索范围越广.其中,若 b 为一更优解,则当 q 越大, $P_2\{\Phi(\text{Ab}_i) \rightarrow b\}$ 越大,从而可以提高算法全局优化的能力.

2.2 免疫算法随机过程泛函分析

定义 2 设映射 $T: \Omega \times S \rightarrow S$,若 $X_i \in S$ 成立, $T(\omega, X_j) = Y(\omega)$ 为 S 上的随机变量,则称 T 为随机算子.

由第 2.1 节描述可知,免疫进化算法为随机映射运算.每一个计算迭代过程产生一次映射 T , $T = T_S \times T_G \times T_C$ 分别由免疫选择、免疫基因和免疫克隆算子组成,其映射关系为 $T = (T_S \times T_G \times T_C): S \rightarrow S$. 设 $\text{Ab}(t)$ 、 $\text{Ab}(t+1)$ 分别为第 t 次和第 $t+1$ 次迭代生产抗体群,有

$$\text{Ab}(t+1) = T(\omega, \text{Ab}(t)) = T_g(T_c(T_s(\omega, \text{Ab}(t))))). \quad (5)$$

各代抗体群产生的最佳个体构成一个单调非减序列,即 $f(\text{Ab}_{t-1}) \leq f(\text{Ab}_t) \leq f(\text{Ab}_{t+1})$.

定义 3 随机算子 $T: \Omega \times S \rightarrow S$ 为随机压缩算子,存在非负实值随机变量 $K(\omega) < 1$ 使得

$$p(\{\omega: d(T(\omega, x_i), T(\omega, x_{i+1})) \leq K(\omega)d(x_i, x_{i+1})\}) = 1. \quad (6)$$

定理 1 免疫进化算法算子映射 T 是随机压缩算子.

证明 对于单调非减序列 $f(\text{Ab}_{t-1}) \leq f(\text{Ab}_t) \leq f(\text{Ab}_{t+1})$,存在一个非负实值随机变量 $0 \leq K(\omega)$

< 1 ,使得下式成立:

$$\begin{aligned} d(T(\omega, x_{i-1}), T(\omega, x_i)) &= \\ d(x_i, x_{i+1}) &= \\ |(c - f(x_i)) - (c - f(x_{i+1}))| &\leq \\ K(\omega)|(c - f(x_i)) - (c - f(x_{i+1}))| &= \\ K(\omega)d(x_i, x_{i+1}), & \quad (7) \\ \Omega_0 = \{\omega: d(T(\omega, x_{i-1}), T(\omega, x_i)) \leq \\ K(\omega)d(x_i, x_{i+1})\} &\subseteq \Omega, \\ p(\Omega_0) = p(\{\omega: d(T(\omega, x_{i-1}), T(\omega, x_i)) \leq \\ K(\omega)d(x_i, x_{i+1})\}) &= 1. \end{aligned}$$

所以 $T: \Omega \times S \rightarrow S$ 是一个随机压缩算子. \square

定理 2 (随机压缩映射定理) 设随机算子 $T: \Omega \times S \rightarrow S$ 满足对任何 $\omega \in \Omega$, $T(\omega)$ 均为压缩算子,即存在 $\Omega_0 \in \Omega$, $p(\Omega_0) = 1$,使得对于任意 $\omega \in \Omega_0$,有 $d(T(\omega, x_i), T(\omega, x_{i+1})) \leq K(\omega)d(x_i, x_{i+1})$.其中: $x_i, x_{i+1} \in S$, $0 \leq K(\omega) < 1$.则 $T(\omega)$ 有唯一随机不动点 $r(\omega)$,使得 $T(r(\omega), \omega) = r(\omega)$ 成立.

证明 根据巴拿赫压缩映射定理,对于 $\omega \in \Omega_0$,存在 $h(\omega) \in S$ 为 $T(\omega)$ 唯一不动点.对于 $x_i \in S$,令

$$r(\omega) = \begin{cases} h(\omega), & \omega \in \Omega_0; \\ x_i, & \omega \in \Omega - \Omega_0. \end{cases}$$

则 $r(\omega)$ 为 $T(\omega)$ 广义不动点,且为 $T(\omega)$ 的唯一不动点.对于任意 $x_0 \in S$,有下式成立:

$$x_1(\omega) = T(\omega, x_0), x_{i+1}(\omega) = T(\omega, x_i). \quad (8)$$

由于 $x_1(\omega) \rightarrow x_0$, $T(\omega, x_i(\omega)) \rightarrow T(\omega, x_0)$, $T(\omega)$ 连续, $x_i(\omega) \rightarrow r(\omega)$, $r(\omega)$ 为一随机变量,从而 $r(\omega)$ 为 $T(\omega)$ 的唯一随机不动点.由此可知,免疫进化算法求解过程为随机压缩映射,且该迭代过程是收敛的. \square

3 算法性能分析

不失一般性,考虑以 $X = \{x_1, x_2, \dots, x_m\}$ 为变量的优化问题 $(P): \max\{f(e^{-1}(A)): A \in S\}$,抗体群 $\text{Ab} = \{\text{Ab}_1, \text{Ab}_2, \dots, \text{Ab}_N\}$ 是抗体种群空间 S^N 的一个点, $B^* = \max f(\text{Ab})$ 为问题 (P) 的全局最优解.令 T 为首次搜索到全局最优解 B^* 所需要的时间,则有

$$\theta(k) = P(B^* \in \mathbf{X}(k) | B^* \in \mathbf{X}(k-1)). \quad (9)$$

这样,寻求最优解速度问题便转化为求解数学模型 $\sup(E(T))$ 的问题.由第 2 节分析可知,免疫算法随机过程 $\{A(t)\}_{t \geq 0}$ 为一非齐次马尔可夫链模型,其状态转移矩阵 $P(t) = (P_{ij}(t))$ 为时间 t 的函数.式 (9) 为依赖参数 k 的时变量,则期望值和方差分别表示为

$$E(T) = (1 - p_0)/\theta, \tag{10}$$

$$V(T) = \frac{(1 - p_0)(1 + p_0 - \theta)}{\theta^2}. \tag{11}$$

设 p_0 为初始化时的最优解概率, l 为抗体编码长度, η 为求解问题最优解个数, 种群空间维数为 $C_{2^l+N-1}^N \subset S^N$, e 为抗体群中最优解个数, 则有

$$e = C_{2^l+N-1}^N - C_{2^l-\eta+N-1}^N, \tag{12}$$

$$p_0 = P(T = 0) = \frac{e}{C_{2^l+N-1}^N} =$$

$$\frac{C_{2^l+N-1}^N - C_{2^l-\eta+N-1}^N}{C_{2^l+N-1}^N} = 1 - \frac{C_{2^l-\eta+N-1}^N}{C_{2^l+N-1}^N}. \tag{13}$$

经过变异操作得到最优解的概率为

$$p_B = p_m^{d^*} (1 - p_m)^{l-d^*}. \tag{14}$$

以二进制编码为例, d 为两个位串间不相同的个数, 当 $p_m < 1/2$ 时, 取 $d^* = \max\{d(x_i, x_j)\}$, 则经过变异操作至少包含一个最优个体的概率为

$$p_G = 1 - (1 - p_B)^N. \tag{15}$$

如果仅产生一个最优个体, 则该个体至少被选择一次的概率为

$$p_S^* = \frac{f(x^*)}{N}, p_S = 1 - (1 - p_S^*)^N. \tag{16}$$

$$\sum_{i=1} f(x_i)$$

由此, 通过免疫变异和选择操作至少产生一个最优解概率为

$$\inf(\theta) = p_G p_S. \tag{17}$$

将式(15)和(16)代入(17), 可得

$$p_G p_S = [1 - (1 - p_m^{d^*} (1 - p_m)^{l-d^*})^N] \times \left[1 - \left(1 - \frac{f(x^*)}{N} \right)^N \right], \tag{18}$$

$$\sum_{i=1} f(x_i)$$

$$\sup(E(T)) = \frac{1 - p_0}{\inf(\theta)} = \frac{1 - p_0}{p_G p_S} = \frac{C_{2^l-\eta+N-1}^N}{p_G p_S C_{2^l+N-1}^N}. \tag{19}$$

进而可得

$$E(T) \leq \frac{C_{2^l-\eta+N-1}^N}{p_G p_S C_{2^l+N-1}^N}.$$

同理求得 $V(T)$. 由式(19)可知, 免疫进化算法的收敛速度与种群规模 N 、变异概率 p_m 、克隆选择 p_S 、抗体编码长度 l 有关. 同时, 实际问题最优解个数 η 对算法收敛速度有正相关性.

4 实验仿真和参数校验

选取表1中的测试函数对免疫响应进化算法的收敛性和参数选择进行测试. 函数的基本性质如表1所示, 为多模态复杂函数, 其中 f_2 、 f_3 寻优难度最大, 难以找到所有最优解值. 将测试用例参数选择分为6组, 如表2所示. 通过函数寻优实验测试不同参数下算法的性能. 实验仿真环境为: Windows 7 系统, Intel 处理器 2.90 GHz, 16 G 内存, 仿真软件 Matlab 2010 a.

为便于比较, 以函数 f_1 为基准测试函数, 对参数选择的实例分析如下:

- 1) 抗体群规模 N . 抗体群规模越大, 采样容量越

表1 测试函数基本性质

函数 f	测试函数	范围	最优值
f_1	$f_1(x) = 20 + (x_1^2 + x_2^2) - 10(\cos(2\pi x_1) + \cos(2\pi x_2))$	$-10 \leq x_i \leq 10$	0
f_2	$f_2(x) = \sum_{i=1}^D (100(x_{i+1} - x_i^2)^2 + (x_i - 1)^2)$	$-10 \leq x_i \leq 10$	0
f_3	$f_3(x) = -20 \exp\left(-0.2 \sqrt{\frac{1}{D} \sum_{i=1}^D x_i}\right) - \exp\left(\frac{1}{D} \sum_{i=1}^D \cos(2\pi x_i)\right) + 20 + e$	$32 \leq x_i \leq 32$	0
f_4	$f_4(x) = \sum_{i=1}^D [x_i^2 - 10 \cos(2\pi x_i) + 10]$	$-500 \leq x_i \leq 500$	0
f_5	$f_5(x) = \sum_{i=1}^D [y_i^2 - 10 \cos(2\pi y_i) + 10]$ where, $y_i = \begin{cases} x_i, & x_i < 0.5; \\ \text{round}(2x_i)/2, & x_i \geq 0.5 \end{cases}$	$-5.12 \leq x_i \leq 5.12$	0

表2 测试用例参数选择

参数名	参数组 P1	参数组 P2	参数组 P3	参数组 P4	参数组 P5	参数组 P6
抗体规模 N	20	50	50	50	50	50
抗体编码 l	16	16	16	16	16	16
抗体淘汰率 p_d	0.2	0.2	0.2	0.2	0.2	0.2
最大迭代数 I_{max}	500	500	500	500	500	500
变异概率 p_m	0.05	0.05	0.2	0.5	0.2	0.5
最大变异率 p_{max}	0.8	0.8	0.8	0.8	0.8	0.8

表3 30次平均测试统计结果比较

函数	指标	参数组 P1	参数组 P2	参数组 P3	参数组 P4	参数组 P5	参数组 P6
f_1	Mean	3.71e+000	1.46e-009	0	0	0	0
	Std	0.72e+000	2.40e-009	0	0	0	0
	AveIt	152	95	89	67	58	56
f_2	Mean	4.37e+000	3.01e+001	2.10e+001	2.32e+001	1.54e+000	4.26e-007
	Std	1.51e+000	1.73e+001	2.98e+000	2.01e+000	0.97e+000	1.39e-006
	AveIt	500	500	500	500	500	500
f_3	Mean	1.14e+000	1.16e-005	2.34e-005	3.44e-015	1.11e-014	9.88e-016
	Std	0.22e+000	3.71e-006	1.46e-004	2.14e-015	3.55e-015	0
	AveIt	500	500	500	500	500	500
f_4	Mean	2.08e+000	1.03e+002	2.00e-005	0	0	0
	Std	0.41e+000	2.44e+001	1.92e-006	0	0	0
	AveIt	500	500	500	416	387	360
f_5	Mean	2.29e+000	8.88e+001	4.36e-010	4.14e-016	6.32e-015	0
	Std	0.54e+000	2.98e+001	2.44e-010	1.45e-015	3.33e-015	0
	AveIt	500	500	500	500	500	412

大,可以防止未成熟收敛,改进算法全局搜索质量. 一般情况下,选取 $N = 20 \sim 50$. 当 N 选择 $50 \sim 100$ 之间时,函数 f_1 在不同种群规模下收敛曲线如图2所示. 算法运算性能差异不大,都能以较好的速率收敛到全局最优,当 N 增大到200及以上时,算法收敛速度反而下降,原因是个体适应度评价的计算量随着 N 的增大而增大.

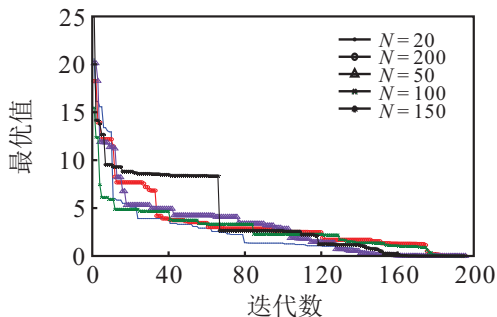


图2 $p_m = 0.5$ 时,函数 f_1 在不同种群规模下收敛曲线

2) 抗体编码长度 l . 抗体编码长度(以二进制编码为例)一般由问题解所需的精度确定. 位串编码 l 越长,所表示的精度越高,但计算效率降低. 因此,很多算法采用特殊编码方式来平衡求解精度和效率问题.

3) 变异概率 p_m . 在函数 f_1 的测试过程中,当种群规模保持50不变,变异概率在 $0.05 \sim 0.8$ 之间变化,算法收敛曲线比较如图3所示. 当变异概率 p_m 在一定范围内增大时,算法的收敛速度提升;但若 p_m 过高,则收敛效率反而降低. 同时,由式(14)可知,当 $p_m = 1$ 时, $p_B = p_m^{d^*} (1 - p_m)^{l - d^*} = 0$,从而使得 $\sup(E(T)) \rightarrow \infty$. 为进一步探讨抗体变异率对算法性能的影响,在保持抗体规模、抗体编码、迭代次数等参数不变的情况下,使抗体变异率 P_m 在 $0.02 \sim 1$ 之间变化,测试算法的种群多样性和收敛性关系. 选取函数 f_2, f_3 寻优过程中部分种群多样性分布如图4和图5所示.

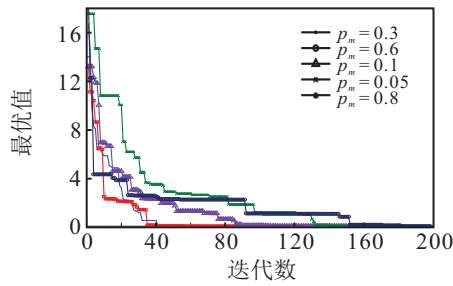


图3 $N = 50$ 时, 函数 f_1 在不同变异率下收敛曲线

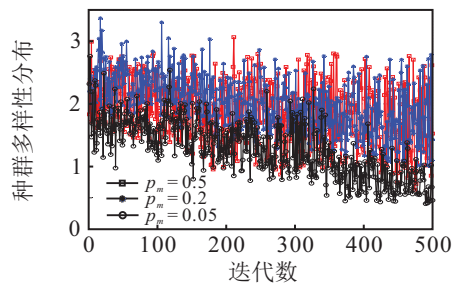


图4 函数 f_2 在不同变异率下种群多样性变化

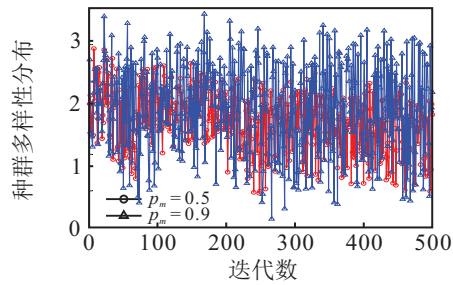


图5 函数 f_3 在不同变异率下种群多样性变化

由图4可见, 当 p_m 过小 ($p_m < 0.05$) 时, 种群多样性随着进化代数的增加而降低, 多样性在进化后期快速减弱, 群体的多样性不能保证. 图5中, 当 p_m 过大 ($p_m > 0.5$) 时, 种群多样性分布范围很广, 导致群体不稳定, 搜索过程难以长时间稳定地收敛, 易出现振荡. 通过实验可知, 一般情况下, 选取 $p_m = 0.1 \sim 0.6$. 在影响算法运行效率的各项因素中, 抗体种群规模和变异率起主要作用; 算法全局收敛和迭代次数的影响作用中, 变异率居首要地位. 另外, 抗体克隆规模、抗体淘汰率对算法性能也产生一定的影响. 当抗体淘汰率增大时, 抗体多样性好, 有利于摆脱局部极小点; 当克隆规模增大时, 抗体群变异个体增加, 可以提高算法全局搜索能力. 相反的是, 由于克隆扩增导致抗体个体数量增加, 每代亲和力计算次数也随之增加, 因此太大的克隆规模对算法收敛是不利的.

5 结论

本文在基于人工免疫响应的免疫进化算法的基础上, 结合整体优化问题分析了免疫进化算法基本原理和免疫算子的性能. 结合免疫算子及关键参数的构成, 运用随机泛函理论对算法过程进行具体描述,

同时对免疫种群达到吸收态的变换过程进行证明, 并将算法求解最优解速度问题转化为求解数学期望模型 $\sup(E(T))$ 的问题, 从理论角度对免疫进化算法性能影响因素进行了论证. 最后通过多组实验比较, 探讨了影响免疫算法收敛性的参数选择原则.

本文从随机过程及泛函理论角度分析了算法的收敛性, 为解空间较大及高维优化问题的免疫进化算法收敛性及性能分析提供了一种可行方法. 但免疫进化算法的性能与实际求解问题密切相关, 因此, 结合具体优化问题探讨算法效率和参数选择将是下一步研究的重点内容.

参考文献(References)

- [1] Famer J D, Packard N H, Perelson A S. The immune system, adaptation, and machine learning[J]. *Physica D*, 1986, 22(3): 187-204.
- [2] Dasgupta D. Artificial immune systems and their applications[M]. Berlin: Springer-Verlag, 1999: 23-37.
- [3] De Castro L N, Von Zuben F J. 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.
- [4] Ashish Ahuja, Sanjoy Das, Anil Pahwa. An AIS-ACO hybrid approach for multi-objective distribution system reconfiguration[J]. *IEEE Trans on Power Systems*, 2007, 22(3): 1101-1112.
- [5] Dasgupta D. Advances in artificial immune systems[J]. *IEEE Computational Intelligence Magazine*, 2006, 1(4): 40-49.
- [6] Kuo R J, Tseng Y S, Chen Z Y. Integration of fuzzy neural network and artificial immune system-based back-propagation neural network for sales forecasting using qualitative and quantitative data[J]. *J of Intelligent Manufacturing*, 2016, 27(12): 1191-1207.
- [7] Miralvand M, Rasoolzadeh S, Majidi M. Proposing a features preprocessing method based on artificial immune and minimum classification errors methods[J]. *J of Applied Research and Technology*, 2015, 13(4): 477-481.
- [8] Anna S Swiecicka, Franciszek Seredynski, Albert Y Zomaya. Multi-processor scheduling and rescheduling with use of cellular automata and artificial immune system support[J]. *IEEE Trans on Parallel and Distributed Systems*, 2006, 17(3): 253-262.
- [9] 肖人彬, 曹鹏林, 刘勇. 工程免疫计算[M]. 北京: 科学出版社, 2007: 79-102.
(Xiao R B, Cao P L, Liu Y. Engineering immune computing[M]. Beijing: Science Press, 2007: 79-102.)
- [10] 焦李成, 杜海峰, 刘芳. 免疫优化计算-学习与识别[M].

- 北京: 科学出版社, 2006: 41-53.
(Jiao L C, Du H F, Liu F. Immune optimization, study and recognition[M]. Beijing: Science Press, 2006: 41-53.)
- [11] 杜海峰, 公茂果, 焦李成. 用于高维函数优化的免疫记忆克隆规划算法[J]. 自然科学进展, 2004, 14(8): 925-935.
(Du H F, Gong M G, Jiao L C. Immune memory clonal optimization algorithm for high-dimensional function[J]. Nature Science Progress, 2004, 14(8): 925-935.)
- [12] 公茂果, 杜海峰, 焦李成. 基于人工免疫响应的线性系统逼近[J]. 中国科学: E辑, 2005, 35(12): 1288-1303.
(Gong M G, Du H F, Jiao L C. Linear systems approximation based on artificial immune response[J]. Science in China: Ser E, 2005, 35(12): 1288-1303.)
- [13] 公茂果, 焦李成, 刘芳. 基于神经系统与免疫系统调节机理的Memetic计算[J]. 中国科学: E辑, 2010, 40(11): 1428-1436.
(Gong M G, Jiao L C, Liu F. Memetic computing based on mechanisms of nervous system and the immune system[J]. Science in China: Ser E, 2010, 40(11): 1428-1436.)
- [14] Nguyen Q C, Ong Y S, Lim M H. A probabilistic memetic framework[J]. IEEE Trans on Evolutionary Computation, 2009, 13(3): 604-623.
- [15] Ang J H, Tan K C, Mamun A A. An evolutionary memetic algorithm for rule extraction[J]. Expert Systems with Applications, 2010, 37(2): 1302-1315.
- [16] Hart E, Timmis J. Application areas of AIS: The past, the present and the future[J]. Applied Soft Computing, 2008, 8(1): 191-201.
- [17] Vose M D, Liepins G E. Punctuated equilibrium in genetic search[J]. Complex Systems, 1991, 5(5): 31-44.
- [18] Goldberg D E. Real-coded genetic algorithms, virtual alphabets, and blocking[J]. Complex Systems, 1991, 5(2): 139-167.
- [19] 徐雪松. 免疫计算智能及其在系统优化中的研究与应用[D]. 长沙: 湖南大学电气与信息工程学院, 2009.
(Xu X S. Research on Immune Intelligence and its applications in system optimization[D]. Changsha: College of Electrical and Information Engineering, Hu'nan University, 2009.)
- [20] Clarke E, Honea Timmis J. A Markov chain model of the B-cell algorithm[C]. Proc of the 4th Int Conf on Artificial Immune Systems. Berlin: Springer, 2005: 318-330.
- [21] Liu X Y, Zhang A L, Gao Y L. A novel hybrid immune algorithm and its convergence based on the steepest descent algorithm[J]. Applied Mathematics and Computation, 2011, 218(4): 1291-1296.
- [22] Lu H. On convergence of a novel artificial immune algorithm[J]. Information Technology J, 2013, 12(10): 2049-2053.
- [23] Xie L P, Zeng J C, Formato R A. Convergence analysis and performance of the extended artificial physics optimization algorithm[J]. Applied Mathematics and Computation, 2011, 218(8): 4000-4011.
- [24] 薛俊杰, 王瑛, 李浩. 一种狼群智能算法及收敛性分析[J]. 控制与决策, 2016, 31(12): 2131-2140.
(Xue J J, Wang Y, Li H. A smart wolf pack algorithm and its convergence analysis[J]. Control and Decision, 2016, 31(12): 2131-2140.)
- [25] 宁爱平, 张雪英. 人工蜂群算法的收敛性分析[J]. 控制与决策, 2013, 28(9): 1554-1558.
(Ning A P, Zhang X Y. Convergence analysis of artificial bee colony algorithm[J]. Control and Decision, 2013, 28(9): 1554-1558.)
- [26] 罗小平, 韦巍. 生物免疫遗传算法几乎处处强收敛性分析及收敛速度估计[J]. 电子学报, 2005, 33(10): 1804-1809.
(Luo X P, Wei W. The analysis on strong convergence and convergence rate estimate of immune genetic algorithm[J]. Acta Electronica Sinica, 2005, 33(10): 1804-1809.)
- [27] 董文永, 张文生, 于瑞国. 求解组合优化问题伊藤算法的收敛性和期望收敛速度分析[J]. 计算机学报, 2011, 34(4): 637-647.
(Dong W Y, Zhang W S, Yu R G. Convergence and runtime analysis of ITO algorithm for one class of combinatorial optimization[J]. Chinese J of Computer, 2011, 34(4): 637-647.)
- [28] 黄翰, 林智勇, 郝志峰. 基于关系模型的进化算法收敛性分析与对比[J]. 计算机学报, 2011, 34(5): 801-811.
(Huang H, Lin Z Y, Hao Z F. Convergence analysis and comparison of evolutionary algorithm based on relation model[J]. Chinese J of Computer, 2011, 34(5): 801-811.)
- [29] 丁峰. 系统辨识算法的复杂性、收敛性及计算效率研究[J]. 控制与决策, 2016, 31(10): 1729-1741.
(Ding F. Complexity, convergence and computational efficiency for system identification algorithm[J]. Control and Decision, 2016, 31(10): 1729-1741.)

(责任编辑: 郑晓蕾)