

# 多峰值函数优化问题的免疫遗传算法求解

万建臣, 靳宗信

(黄河科技学院信息工程学院 郑州 450063)

**【摘要】**生物免疫系统在遭受未知抗原攻击时,能通过基因的重组和变异,找到合适的抗体消灭抗原,并且能保持抗体的多样性。把生物免疫系统的这种特性加入到免疫遗传算法中能解决其迭代后期出现的退化现象。针对注射过疫苗的生物免疫系统能够很快识别抗原这一特性,对传统免疫遗传算法进行改进,提出一种改进的免疫遗传算法(IIGA),并用其求解经典的Benchmark多峰值函数,实验结果表明IIGA能够有效抑制免疫遗传算法的退化现象,并提高算法的收敛速度。

**关键词** 收敛; 遗传算法; 免疫疫苗; 多峰值函数; 最优解; 接种

中图分类号 TP3139.03

文献标志码 A

doi:10.3969/j.issn.1001-0548.2013.05.024

## Improvement of Immune Genetic Algorithm for Multi-Peak Function Optimization

WAN Jian-chen and JIN Zon-gxin

(Department of Information Engineering, Huanghe Science and Technology College Zhengzhou 450063)

**Abstract** The biological immune system when attacked can always find the right antibodies to destroy the antigen and can maintain the diversity of antibodies. The combination of genetic and immunity in biology has been shown to be an effective approach to solving the degeneration of genetic algorithm in the late iterative optimization. According to the characteristic that the injected vaccine immune system can accomplish quickly identification the antigen, an improved immune genetic algorithm (IIGA) is proposed based on this theory for Benchmark function optimization. The results show that the IIGA can effectively prevent the algorithm degenerative during the process of optimization of the genetic algorithm, and improve the convergent speed of the algorithm.

**Key words** convergence; genetic algorithm; immune vaccine; multi-peak function; optimum solution; vaccinate

随着信息技术的迅速发展,交叉学科已经成为研究的热点。根据生物体的生理功能、特点和作用机理,从中提取相应的人工模型,已经被广泛用于多峰值函数优化、调度问题、数据挖掘、模式识别、入侵检测等领域<sup>[1-9]</sup>。

遗传算法是受达尔文遗传理论启发而发展起来的一种智能优化算法,由于其具有很强的鲁棒性和全局搜索能力,已被成功用于多个领域。但经典的遗传算法存在许多缺点,如在迭代后期容易出现早熟、收敛速度慢等问题。

生物免疫系统的多样性以及克隆选择机制为遗传算法的改进提供了启发,将这种机制加入到经典的遗传算法中,能够有效地改善遗传算法的多样性,避免遗传算法过早收敛,能够产生更为优良的下一代种群,从而快速找到最优解,而免疫疫苗便是其中的关键,免疫疫苗在抗体中的位置在一定程度上

决定着该抗体的质量,但这并不影响算法的收敛性。所以能找到优良的疫苗,并将其接种到种群中,可以提高解的质量。

虽然算法的收敛性并不受疫苗的影响,但优良的疫苗却能加快算法的收敛速度<sup>[10-11]</sup>。本文对一般提取疫苗的算法进行了改进,提出了一种建立记忆库的方法,从而得出一种改进的免疫遗传算法(IIGA)。同时,为了证明本算法的可行性,本文将IIGA用于几个典型Benchmark函数的求解中,仿真结果表明,IIGA确实能够抑制遗传算法的早熟现象,加快算法的收敛速度。

## 1 IIGA

### 1.1 传统的免疫遗传算法

免疫遗传算法(immune genetic algorithm, IGA)是将免疫理论(immune algorithm, IA)和基本遗传算

法(simple genetic algorithm, SGA)各自的优点结合起来的一个多学科相互交叉、渗透的优化算法。该算法既保留了遗传算法的搜索特性,又利用了免疫算法的多机制求解多目标函数最优解的自适应特性,在一定程度上避免了遗传算法的“早熟”问题。

经典免疫遗传算法的流程为:

- 1) 随机产生初始父代种群 $A_1$ 。
- 2) 根据先验知识抽取疫苗。
- 3) 若当前种群中已包含最佳个体,算法结束;否则进行下一步骤。
- 4) 根据抗体浓度和适应度进行复制。
- 5) 对当前第 $K$ 代父代种群 $A_K$ 进行交叉操作,得到种群 $B_K$ 。
- 6) 对种群 $B_K$ 进行变异操作,得到种群 $C_K$ ,返回步骤3)。

## 1.2 改进的免疫遗传算法(IIGA)

本文提出的免疫遗传算法是利用记忆库中疫苗长度的动态变化特性,以增加抗体的多样性。在记忆库中选取优良的疫苗,并将其接种到遗传算法的种群中,从而加快算法收敛速度。由生物学相关理论可知,基因本身中碱基的顺序仅是决定生物性状的因素之一,而决定生物性状的另一个重要因素是其在染色体上的位置,所以具有相同碱基顺序的两个基因可能会由于位置不同而表现出不同的性状。免疫疫苗是一个基因串,该基因串中除了包含一个或几个连续的基因外,还包含该疫苗在解中的位置信息,这将利于疫苗发挥其更大的作用。免疫疫苗的结构如图1所示。



图1 免疫疫苗的结构图

在IIGA中,为了对免疫疫苗进行综合分析,需要将提取出来的疫苗放入记忆库中,记忆库由 $M_1$ 和 $M_2$ 组成,其中长度为2的疫苗放在 $M_1$ 中,长度为 $B_l$ 的疫苗放在 $M_2$ 中,通过计算可以得到 $B_l$ 的长度。

计算记忆库 $M_2$ 中疫苗的长度为:

$$B_l = 2 + l \quad (1)$$

$$l = \begin{cases} 0 & \text{rand} \leq \alpha \\ 1 & \alpha < \text{rand} \leq \beta \\ 2 & \beta < \text{rand} \leq \gamma \\ 3 & \gamma < \text{rand} \end{cases} \quad (2)$$

式中,rand为随机数; $\alpha$ 、 $\beta$ 、 $\gamma$ 均为经验值,分别取0.6、0.85、0.95。

经过多次实验,在算法的运行过程中要保持记

忆库中免疫疫苗的数量不变。每当有新的免疫疫苗加入到记忆库中时,首先计算其适应度,然后根据“优胜劣汰”的策略淘汰适应度较小的疫苗。计算记忆库的规模为:

$$B_s = \eta m \quad (3)$$

式中, $\eta$ 为调整参数; $m$ 表示种群数量。

建立记忆库 $M_1$ 的详细步骤如下:

- 1) 建立集合 $A = \{g_1, g_2, \dots, g_n\}$ ,其中 $g_i$ 表示抗体的基因位。
- 2) 使用轮盘赌的方法在集合 $A$ 中选择基因 $g_i$ 并把 $g_i$ 与集合 $A - \{g_i\}$ 中的每个基因进行两两配对。
- 3) 计算步骤2)中配对后基因段的适应度并排序,且把适应度较大的 $k_1$ 个基因段放入 $M_1$ 中。

建立记忆库 $M_2$ 的详细步骤如下:

- 1) 对种群中所有抗体的适应度进行计算,并按适应度的大小进行排序;
- 2) 使用轮盘赌的方法选取集合 $A$ 中的一个基因 $g_i$ ,并在种群的每个抗体的相应位置开始,截取长度为 $l$ 的基因段,然后计算所选段的适应度,且按照适应度排序,把适应度较大的 $k_2$ 个基因段放入 $M_2$ 中。

因为疫苗中的位置信息能够影响到解的质量,所以对疫苗进行注射时,尽量不要采取随机的方式,而是结合位置信息,这样使得疫苗的接种更为合理。

有时注射疫苗后的抗体的适应度可能会降低,这是因为新疫苗的适应度没有原来基因段的适应度高的缘故,所以这时应该以适应度高的抗体为准。为了让种群不失多样性,应尽量保证种群中抗体的数量,此数量以实验值为准。

为种群中基因注射疫苗的算法如下:

- 1) 使用轮盘赌的方法在记忆库中选取一个疫苗 $x_i$ 。
- 2) 在种群中随机选取一个抗体 $Y_j$ ,并根据 $x_i$ 中包含的位置信息找到 $Y_j$ 上的相应位置。
- 3) 替换掉 $Y_j$ 中的相应部分,得到抗体 $Y'_j$ 。
- 4) 计算 $Y'_j$ 和 $Y_j$ 的适应度,并对两者进行比较,选择更优秀的抗体进入下一代。

加入疫苗过程的流程如图2所示。

利用上述算法,最后得到IIGA的步骤为:

- 1) 随机产生初始种群 $P_0$ 。
- 2) 由上述算法提取疫苗,并建立记忆库。
- 3) 计算种群的适应度。
- 4) 判断适应度,如果种群中已包含最优解,则算法停止;否则继续。

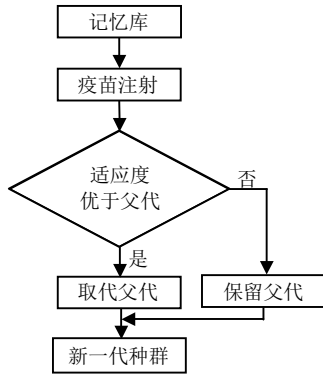


图2 加入疫苗过程流程图

- 5) 对第  $k$  代群体  $P_k$  进行交叉和变异操作后得到种群  $A_k$ 。
- 6) 对种群  $A_k$  进行疫苗接种操作, 得到种群  $A'_k$ 。
- 7) 对  $A'_k$  进行免疫选择和种群更新操作, 得到下一代种群  $P_{k+1}$ 。

该算法的流程图如图3所示。

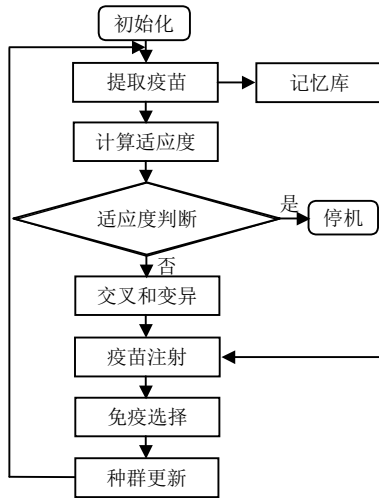


图3 IIGA的流程图

## 2 IIGA用于求解Benchmark函数

为了验证IIGA的有效性和全局寻优能力, 本文使用IIGA求解几个典型的Benchmark函数, 并与IACSA<sup>[13]</sup>中的算法进行对比。结果表明, 本文提出的IIGA算法的收敛速度明显快于IACSA, 而且对于某些函数其解的质量要比IACSA算法解的质量高几个数量级。

以下为测试函数。

Sphere函数:

$$f_3(x) = \sum_{i=1}^n x_i^2 \quad (4)$$

Rosenbrock函数:

$$f_4(x) = \sum_{i=1}^n (100(x_{i+1} - x_i^2)^2 + (1 - x_i)^2) \quad (5)$$

Griewank函数:

$$f_5(x) = \frac{1}{4000} \sum_{i=1}^n x_i^2 - \prod_{i=1}^n \cos\left(\frac{x_i}{\sqrt{i}}\right) + 1 \quad (6)$$

Rastrigin函数:

$$f_6(x) = \sum_{i=1}^n [x_i^2 - 10 \cos(2\pi x_i) + 10] \quad (7)$$

对于上面的每个函数, 程序运行50次, 运行结果的平均值如表1~表3所示。

表1 10维函数的运行结果

函数名称	IACSA	IIGA
Sphere	$0.60 \times 10^{-12}$	$0.35 \times 10^{-15}$
Rosenbrock	$0.37 \times 10^{-3}$	$0.31 \times 10^{-5}$
Griewank	$0.74 \times 10^{-2}$	$0.34 \times 10^{-4}$
Rastrigin	$1.17 \times 10^{-12}$	$0.12 \times 10^{-14}$

表2 20维函数的运行结果

函数名称	IACSA	IIGA
Sphere	$0.16 \times 10^{-12}$	$0.34 \times 10^{-14}$
Rosenbrock	$2.61 \times 10^{-2}$	$0.25 \times 10^{-4}$
Griewank	$0.51 \times 10^{-4}$	$0.36 \times 10^{-5}$
Rastrigin	$1.10 \times 10^{-3}$	$0.11 \times 10^{-4}$

表3 30维函数的运行结果

函数名称	IACSA	IIGA
Sphere	$0.78 \times 10^{-13}$	$0.12 \times 10^{-14}$
Rosenbrock	$4.29 \times 10^{-2}$	$0.61 \times 10^{-3}$
Griewank	$0.45 \times 10^{-2}$	$0.51 \times 10^{-3}$
Rastrigin	$4.15 \times 10^{-2}$	$0.16 \times 10^{-3}$

从表1~表3可以看出, 本文提出的IIGA算法在求解10维的Benchmark函数时在解的精度上优势较大, 尤其是Sphere函数, 解的精度比文献[13]中算法IACSA的求解精度提高了3个数量级, 而求解其他3个10维的Benchmark函数, 解的精度提高了2个数量级。

对于20维的Benchmark函数的求解中, IIGA对Sphere函数、Rosenbrock函数的求解优势明显, 解的质量比IACSA算法提高了2个数量级。但对于Griewank函数、Rastrigin函数的优势不太明显。另外, 对于30维的Benchmark函数, IIGA的优势也不是特别明显, 解的质量只提高了1个数量级。

## 3 结论

将利用生物抗体的特征信息制作的免疫疫苗接种到遗传算法中, 能够提高算法的多样性, 很快找到全局最优解。本文就生物的这种特性, 提炼出一种创建疫苗库的方法, 并在该疫苗库中选取合适的疫苗对经典免疫遗传算法中的抗体进行疫苗接种, 提出了一种改进的免疫遗传算法(IIGA), 最后把IIGA应用于典型的Benchmark函数求解中, 结果表明, IIGA能够增强算法的多样性, 提高了算法的收

敛速度。

### 参 考 文 献

- [1] JIN Zong-xin, LIU Guang-yuan, WEN Wan-hui. Clonal selection algorithm with hyper mutation and spatial clone extension[C]//Proceedings of the 2006 International Conference on Computational Intelligence and Security. Berlin: Springer, 2006.
- [2] LU Hong. A novel artificial immune algorithm for job shop scheduling[C]//Proceedings of the 2009 International Conference on Computational Intelligence and Natural Computing. Piscataway: IEEE Press, 2009.
- [3] FREITAS A A. Revisiting the foundations of artificial immune systems for data mining[C]//IEEE Transactions on Evolutionary Computation. Piscataway: IEEE Press, 2007.
- [4] DENG Jiu-ying. An artificial immune network approach for pattern recognition[C]//The third International Conference on Natural Computation. Berlin: Springer, 2007.
- [5] LU Hung-ching. Design of the fuzzy neural network controller using back-propagation artificial immune algorithm[C]//The International Conference on System Science and Engineering(ICSSSE). Piscataway: IEEE Press, 2011.
- [6] GOLOVKO V. Principles of neural network artificial immune system design to detect attacks on computers[C]//The international Conference on Modern Problems of Radio Engineering. Piscataway: IEEE Press, 2010.
- [7] HUANG Yue, LI Dan, GAO Li-qun. Power system short-term load forecasting based on neural network with artificial immune algorithm[C]//Control and Decision Conference (CCDC). Piscataway: IEEE Press, 2012.
- [8] ZHONG Yan-fei, ZHANG Liang-pei. An adaptive artificial immune network for supervised classification of multi-hyperspectral remote sensing imagery[C]//IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing. Piscataway: IEEE Press, 2012.
- [9] 岑健. 基于人工免疫系统的机组复合故障诊断技术研究[D]. 广州: 华南理工大学, 2010.
- CEN Jian. The unit compound fault diagnosis technology research based on artificial immune system[D]. Guangzhou: South China University of Technology, 2010.
- [10] 王肃. 基于多Agent的突发事件信息智能监测系统研究[D]. 北京: 北京邮电大学, 2011.
- WANG Su. Emergency information intelligent monitoring system research based on multi-agent[D]. Beijing: Beijing University of Posts and Telecommunications, 2011.
- [11] 周伟良, 何鲲, 曹先彬, 等. 基于一种免疫遗传算法的BP网络设计[J]. 安徽大学学报(自然科学版), 1999, 23(1): 63-66.
- ZHOU Wei-liang, HE Kun, CAO Xian-bin, et al. The BP network design Based on a kind of immune genetic algorithm[J]. Journal of Anhui University (Natural Science Edition), 1999, 23(1): 63-66.
- [12] 王煦法, 张显俊, 曹先彬, 等. 一种基于免疫原理的遗传算法[J]. 小型微型计算机系统, 1999, 20(2): 117-120.
- WANG Xu-fa, ZHANG Xian-jun, CAO Xian-bin, et al. A genetic algorithm based on immune principle[J]. Small Microcomputer System, 1999, 20(2): 117-120.
- [13] 靳宗信, 刘光远, 温万惠, 等. 一种改进的用于多峰值函数优化的自适应克隆选择算法[J]. 西南大学学报(自然科学版), 2007, 29(3): 164-168.
- JIN Zong-xin, LIU Guang-yuan, WEN Wan-hui, et al. A improved adaptive clonal selection algorithm applied to solve multimodal function optimization[J]. Journal of Southwest University (Natural Science Edition), 2007, 29(3): 164-168.

编辑 张俊