

一种基于非基因信息的免疫记忆优化算法

宋丹 樊晓平 刘钟理

An immune memory optimization algorithm based on the non-genetic information

Song Dan Fan Xiao-Ping Liu Zhong-Li

引用信息 Citation: *Acta Physica Sinica*, 64, 140203 (2015) DOI: 10.7498/aps.64.140203

在线阅读 View online: <http://dx.doi.org/10.7498/aps.64.140203>

当期内容 View table of contents: <http://wulixb.iphy.ac.cn/CN/Y2015/V64/I14>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

优化模式物理参数的扩展四维变分同化方法

Expanded four-dimensional variational data assimilation method to optimize model physical parameters

物理学报.2014, 63(24): 240202 <http://dx.doi.org/10.7498/aps.63.240202>

基于跟驰模型列车运行优化控制模拟研究

Simulation of optimal control of train movement based on car-following model

物理学报.2014, 63(7): 070202 <http://dx.doi.org/10.7498/aps.63.070202>

基于梯度响应面模型的优化设计

Gradient-based response surface approximations for design optimization

物理学报.2013, 62(19): 190201 <http://dx.doi.org/10.7498/aps.62.190201>

群体智能优化中的虚拟碰撞: 雨林算法

Pseudo-collision in swarm optimization algorithm and solution: rain forest algorithm

物理学报.2013, 62(19): 190202 <http://dx.doi.org/10.7498/aps.62.190202>

非定常动态演化伴随优化设计方法

Unsteady dynamic evolution adjoint design method

物理学报.2012, 61(20): 200206 <http://dx.doi.org/10.7498/aps.61.200206>

一种基于非基因信息的免疫记忆优化算法*

宋丹¹⁾²⁾† 樊晓平¹⁾²⁾ 刘钟理²⁾

1) (中南大学信息科学与工程学院, 长沙 410083)

2) (湖南财政经济学院信息管理系, 长沙 410205)

(2015年2月3日收到; 2015年3月12日收到修改稿)

为提高人工免疫优化算法的优化能力, 将非基因信息的记忆机制引入智能算法, 提出了一种基于非基因信息的免疫记忆优化算法. 算法通过对先验知识(非基因信息)的短期记忆并指导后续进化, 降低盲目搜索和重复搜索, 增加了搜索的智能性和有效性. 结合标准测试函数在高维下的仿真实验表明, 与其他智能算法相比, 新算法在收敛速度、收敛精度和全局收敛性方面均优于对比算法. 此外, 在超高维下的仿真结果表明新算法具有在大规模维度解空间中的全局寻优能力.

关键词: 优化算法, 免疫记忆, 非基因信息, 数值计算**PACS:** 02.60.Pn, 02.60.Cb**DOI:** 10.7498/aps.64.140203

1 引言

生物免疫系统具有分布式、自组织、克隆选择、智能记忆和二次快速应答等重要生物原理, 免疫优化算法是基于生物免疫原理而构造的人工算法. 2002年, Castro等^[1]首次构造的克隆选择算法被认为是第一个克隆选择算法, 算法采用克隆、变异等免疫操作对问题的目标空间进行有效搜索, 并成功地进行了组合优化与数值优化问题的应用研究. 此后, 通过效仿免疫机理, 人工免疫系统在通信安全^[2]、网络资源分配^[3]、模型构建^[4]、动态约束优化等^[5]工程问题中得到广泛应用.

近年来, 各类智能优化算法经常设置记忆机制以提高算法的优化性能: 如差分进化算法(differential evolutionary algorithm)^[6]、超启发式进化算法(hyper-heuristic evolutionary algorithm)^[7]、粒子群算法(particle swarm optimization algorithm)^[8].

根据不同的记忆机制, 智能记忆优化算法可以分为两类: 第一类没有设置独立的记忆结构, 通过进化操作本身来实现记忆, 如刘若辰等^[9]提

出的一种免疫记忆动态克隆策略算法具有这样的特征; 另一类智能算法设置了相对独立的数据结构进行记忆, 如SPEA^[10]与SPEA2^[11]软件设置外部档案记忆非劣解以提高算法收敛速度, Clarke-Wright^[12]算法则对选择部分不可行性解存档以利于种群通过不可行区域, 文献^[13]记忆局部最优Pareto解后进行禁忌搜索以减少重复搜索, 文献^[14]采用群体统计学习的方法构建整个种群的吸引子.

这两种方式均重视抗体本身的基因信息, 能促进群体在进化迭代中搜寻或提取优秀基因片段而提高算法的性能. 另一方面, 它们都忽视了进化操作中的探索信息(非基因信息), 没有充分利用进化迭代中祖辈的探索经验和先验知识.

在人类社会中, 教育和经验传授对个体的成长起到非常关键的作用, 而这些信息和经验不是通过遗传基因来传递. 从人类社会的角度出发, 可以对非基因信息进行定义: 人类个体在后天成长和学习中可以从社会环境和传承载体(如语言、书本等)中获取的对自身有价值的信息和经验.

* 国家自然科学基金(批准号: 61402540, 61103108)、湖南省教育厅科学研究重点项目(批准号: 13A010)和湖南省教育厅科学研究青年项目(批准号: 12B021)资助的课题.

† 通信作者. E-mail: s1020d@126.com

为了效仿人类社会的教育和后天培养机制, 本文在免疫优化算法中置入非基因信息的记忆机制, 挖掘并利用祖辈的先验知识, 指导后续进化操作.

2 非基因信息免疫记忆优化算法

免疫优化算法是效仿生物免疫原理中抗体-抗原的机制而构建的优化算法, 通过群体点迭代的方式不断优化抗体群(解决方案), 最终消灭抗原(待解决问题).

一般的, n 维空间的优化问题可转换成 n 维最小值问题

$$\min f(x) = \min f(x_1, x_2, \dots, x_n), \quad (1)$$

$f(x)$ 为 n 维解空间 S 上的连续实函数. 免疫优化算法的种群即抗体群, 第 i 个抗体 $x_i = (x_{i,1}, x_{i,2}, \dots, x_{i,n})$ 是问题的一个解, 通过抗体群的多代进化后, 找到解空间的全局最优解, 在目标空间中获取全局最小值.

2.1 算法流程

本文提出的免疫记忆优化算法是在免疫优化算法的框架上引入非基因信息的记忆机制构建而成. 算法结构如图 1 所示.

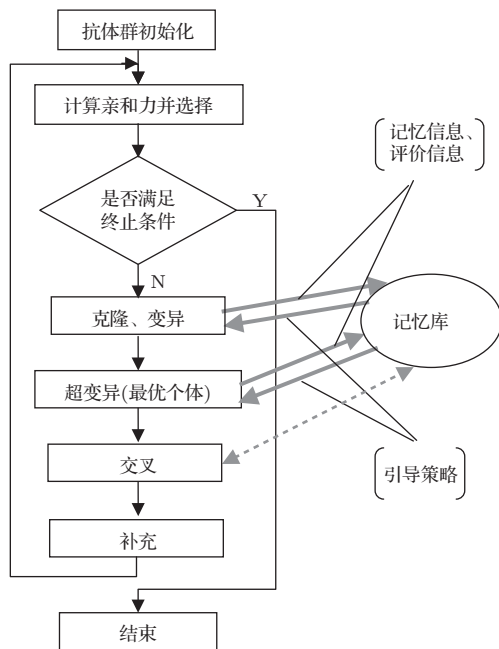


图 1 算法结构图

Fig. 1. The algorithm structure chart.

算法采用随机与混沌方式生成初始抗体群, 第 1 代抗体群 G_1 对应于问题的初始候选解

$G_1 = \{x_{mn}\}$. 先随机生成第一个抗体 x_1 各维的值 $(x_{11}, x_{12}, \dots, x_{1n})$, 再据 Logistic 映射生成其他抗体:

$$\begin{aligned} x_{(i+1)j} &= \mu x_{ij}(1 - x_{ij}) \\ i &= 1, 2, \dots, m - 1; \\ j &= 1, 2, \dots, n. \end{aligned} \quad (2)$$

随后, 对抗体群进行亲和力计算(问题求取函数最小值, 所以用目标函数值的倒数表示亲和力)并选择优胜抗体, 控制其群体规模为 m ; 当终止条件不满足时, 依据抗体群亲和力排名确定克隆规模, 克隆后的群体规模 $CloneS$ 上限为 $1.5m$.

设抗体群 $(x_1, \dots, x_i, \dots, x_m)$ 的名次为 $(v_1, \dots, v_i, \dots, v_m)$, 然后, 据 (3) 式计算单一抗体 x_i 的克隆规模 $CloneN_i$:

$$CloneN_i = \text{floor} \left(\frac{(n - v_i)}{\sum_{i=1}^m v_i} \times m \right) + 1. \quad (3)$$

对克隆后的抗体均进行变异操作, 以促进群体进化; 对最优抗体进行超变异, 有利于尖端优势的进一步扩展, 有效提高算法精度. 变异和超变异都采用基于非基因信息记忆的搜索机制, 具体操作详见本文 2.2 部分.

交叉算子能有效地避免算法陷入局部最优解, 但使用频次过高会对祖辈传承的优良基因模式造成破坏. 因此, 算法采用较小概率进行交叉操作. 当间隔 10 代时, 选取种群中的两个抗体(最优抗体和另外随机选择的抗体)进行单维交叉. 如果新抗体优于原有抗体, 则取代原抗体, 并更新记忆库的相应信息.

补充算子综合当前抗体群的信息来产生新抗体, 依据群体内所有抗体的基因信息和亲和力表现来统计生成, 如 (4) 式所示, 新抗体产生在抗体 x_i 的有效邻域 $([x_{ij} - r, x_{ij} + r], j = 1, 2, \dots, n)$ 内的概率 P_{x_i} 与抗体 x_i 的亲和力 $(f(x_i))^{-1}$ 成正比, 邻域半径 r 的取值与种群规模和解空间有关, 如 (5) 式所示.

$$P_{x_i} = \frac{(f(x_i))^{-1}}{\sum_{i=1}^m (f(x_i))^{-1}} \quad j = 1, 2, \dots, n, \quad (4)$$

$$r = \frac{0.15 \times (B_{\text{up}} - B_{\text{down}})}{m}, \quad (5)$$

(5) 式中, $B_{\text{up}}, B_{\text{down}}$ 为解空间边界的上、下限.

2.2 基于非基因信息记忆的搜索机制

算法的变异和超变异操作中均采用基于非基因信息记忆的搜索方式, 通过随机方式选择一个维度进行搜索, 这种单维搜索可以避免多维搜索产生的相互干扰而导致的停滞现象. 下面以第 j 维上的搜索图例来说明基于非基因信息记忆的搜索方式. 每一次搜索都是以当前抗体位置开始邻域搜索, 当新抗体优胜时, 将取代原抗体.

图 2 表示第一次搜索到第二次搜索的过程. 首先, 设定 A 代表抗体 x_i 的第 j 维在解空间上的初值; 第一次变异时, 记忆库中没有相应非基因信息的存储, 因而采用随机生成步长, 在该维度的正反两个方向上进行探索, 得到 B 和 C (规则一); 计算新抗体 B 和 C 的亲合度, 与 A 一起比较, 优胜结果有三种可能, 因此, 在第二次搜索时分成三类情形, 如果 A 点亲合度最高, 则说明在 CB 段中有一个局部最优点, 因此, 缩短搜索步长, 取上次步长的一半来进行搜索, 得到 D 和 E (规则二); 如是 B 点优胜, 则应在该方向加大步长 (上次步长的二倍), 得到 D 点, 另一方向上, 考虑在 AB 段内也可能出现局部最优点, 因此, 取上次步长的一半, 得到 E 点 (规则三); 如果 C 点优胜, 其情况与 B 点相似, 仅方向相反, 可运用相同规则处理.

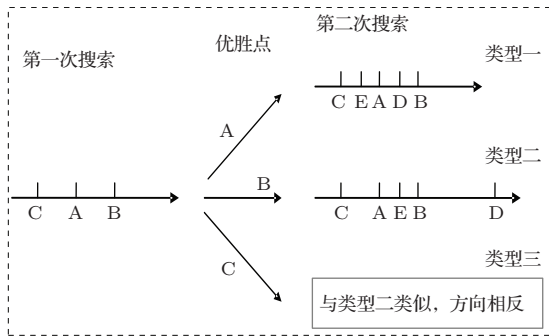


图 2 第一次搜索到第二次搜索

Fig. 2. The first search to the second search.

图 3 和图 4 表示第二次搜索到第三次搜索的两种类型. 图 3 表示类型一, 由于在第一次搜索中已确定局部最优点在 CB 段内, 因此, 图 2 的所有第三次搜索皆发生在 CB 段内, 需进行更高精度的细微搜索. 具体地, 当 A 点优胜, 取上次步长的一半, 得到 G 和 F; 当 D 点优胜时, 则说明局部最优点在 AB 段, 取上次步长的一半, 得到 G 和 F; 当 E 点优胜时, 情况与 D 点优胜类似. 总结这三种情况, 可得到规

则四: 第一次双向搜索均失败时, 第三次搜索的步长为第二次搜索步长的一半. 并且规则四也适用于第三次以后搜索过程. 改进后的规则四为第 k 次双向搜索均失败时, 第 $k+2$ 次搜索的步长为第 $k+1$ 次搜索步长的一半.

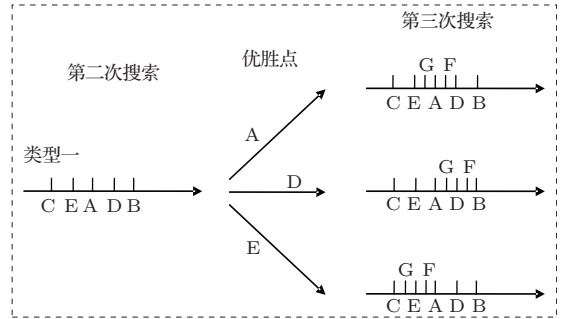


图 3 第二次搜索到第三次搜索 (类型一)

Fig. 3. The second search to the third search (type one).

图 4 表示的是图 2 中的类型二. 具体地, 当 D 点获胜, 则取上一次变异尺度的二倍, 得到 G, F 点, 总结为规则五: 第二次搜索时的成功步长是第一次搜索时成功步长的二倍时, 取上一次步长的二倍. 改进后: 第 $k+1$ 次搜索时的成功步长是第 k 次搜索时成功步长的二倍时, 第 $k+2$ 次搜索取第 $k+1$ 次搜索的二倍. 当 B 点优胜, 说明应在 ED 段内搜索, 取前一步步长的一半, 得到 G, F 点, 总结为规则六: 第 $k+1$ 次双向搜索均失败, 则第 $k+2$ 次搜索取第 $k+1$ 次步长的一半. 当 E 点优胜, 结合前两次搜索的情况与结果, 应在 AB 段内搜索, 取上一次成功步长的一半和负一半, 得到 G, F 点, 总结为规则七: 其余情况下, 第 $k+2$ 次搜索取第 $k+1$ 次成功步长的一半和负一半.

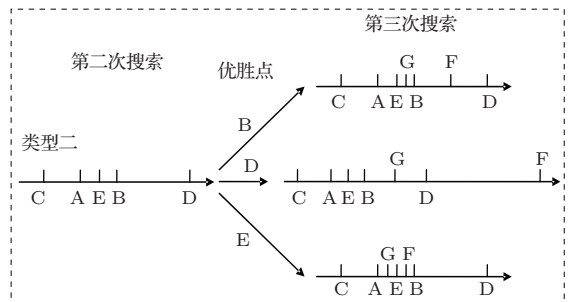


图 4 第二次搜索到第三次搜索 (类型二)

Fig. 4. The second search to the third search (type two).

综合上述搜索过程和规则可以看出, 规则一适用于第一次搜索, 规则二、三适于第二次搜索, 规则四到规则七适于第三次及其以后的搜索. 并且, 第

$k+2$ 次搜索时需要第 k 次和第 $k+1$ 次搜索的步长和评价情况, 这些信息不能在抗体基因中得到体现, 必须设置相对独立的记忆库予以存储. 可以看出, 非基因信息的提取和存储是上述搜索实现的前提.

值得指出的是, 从宏观上看, 发生在抗体 x_i 的第 j 维的上述搜索过程在时间上是可以分离的, 即并不要求在一代或连续的几代进化内完成. 原因是记忆机制的引入可以有效保留该维上的前两次搜索信息, 因此, 在该维度上的搜索进化可以发生在间隔的进化代数间(如第 k 次搜索发生在第3代进化, 第 $k+1$ 次搜索发生在第7代进化等), 其通过相对独立的存储结构可以让其进化经验实现跨代传递. 这种机制的一个优点是在每代进化时抗体在维度选择上仍然是随机的, 每个维度具有等概率的机会进行进化, 避免产生“短板”效应.

基于非基因信息的搜索过程具有如下优势: 在单维上进行双向搜索, 搜索的方向相反, 可避免在错误方向上的多次无效搜索; 当在一个方向上取得成功开拓时, 将在该方向上对步长加倍以扩大搜索范围, 当起点在山脚距山峰“局部最优点”较远时, 这种方法能以指数级增长步长而迅速到达山峰区域; 当在正反两个方向受阻时, 能确定局部最优点就在起点邻域内, 步长将以指数级缩小, 能迅速提高搜索精度, 展开细微搜索. 宏观上, 短期记忆机制的引入, 使有效指导后续搜索成为可能, 即前辈的经验积累通过载体传承给后代成为可能; 随机中引入记忆和指导, 能真实提高搜索的有效性, 大量减少算法的盲目搜索和重复搜索.

基于非基因信息的搜索机制的不利方面在于其注重局部收敛速度, 易陷于局部最优点. 因此, 算法可从两方面克服这一困难: 首先, 算法对此搜索过程设置搜索深度阈值 q_1 (算法中, $q_1 = 10$), 即进行到第 q_1+1 次搜索时, 记忆库对该维信息清除, 开始新一轮的基于非基因信息搜索; 另一方面, 为了加强群体的多样性和解空间的全局范围内的搜索, 算法设置了补充和交叉算子, 补充算子能有效生成含有较好基因片段的新抗体, 而交叉算子可实现抗体间基因信息的互换.

2.3 时间复杂度

依据算法流程进行计算复杂度分析如下(m 表示种群规模, g_{\max} 表示最大进化代数, q_2 表示超变

异算子中最优抗体在一代内进行变异的次数, q_3 表示交叉间隔代数):

初始化及初始抗体群的亲和度计算的计算复杂度均为 $O(m)$;

克隆操作中, 算法的克隆规模最大值为 $1.5m$, 计算复杂度为 $O(1.5m) g_{\max}$;

变异操作中, 其双向变异时规模最大值为 $3m$, 计算复杂度为 $O(3m) g_{\max}$;

补充操作中, 补充规模为 $0.5m$, 因为对原抗体群的信息进行了综合, 其计算复杂度为 $O(1.5m + 0.5m) g_{\max}$;

选择操作中, 进行计算并排序, 其计算复杂度为 $O(2m(\log(2m))) g_{\max}$;

超变异操作中, 仅对最优个体进行操作, 与种群规模无关, 其计算复杂度为 $O(q_2) g_{\max}$;

交叉操作中, 并非对每一代的个体进行交叉操作, 其计算复杂度与交叉间隔代数相关, 为 $O(2/q_3) g_{\max}$.

所以, 总的时间复杂度: $O(m) + O(m) + O(1.5m)g_{\max} + O(3m)g_{\max} + O(1.5m+0.5m)g_{\max} + O[2m(\log(2m))]g_{\max} + O(q_2)g_{\max} + O(2/q_3)g_{\max}$.

考虑到符号 O 的运算规则, 算法总的时间复杂度为 $O[m(\log(m))g_{\max}] + O(q_2)g_{\max} + O(1/q_3)g_{\max}$.

3 仿真试验

本文采用 Ackley 函数、Griewank 函数、Rastrigin 函数、改造的 Rastrigin 函数四个标准测试函数来对非基因信息免疫记忆优化算法进行试验.

与其他智能优化算法对比时, 对测试函数考虑常用的维度取值: $n = 20, 30$. 对应维数的最大迭代次数和对比文献[15, 16]采用相同的进化代数 $G_{\max} = 1500, 2000$, 对应的种群规模统一设置为 $m = 3$ (特殊的 Griewank 函数: $m = 40$). 考虑到双向变异方式、补充算子、超变异算子 ($q_2 = 26$) 和交叉间隔代数 $q_3 = 10$, 其每代的函数评价次数约为 $V = 1.5m \times 2 + 0.5m + 26 + 2/10 = 36.7$ (特殊的 Griewank 函数: $V = 166.2$). 克隆选择算法 (Clonal Selection Algorithm, CSA)”采用与本文算法相同的参数设置. 对比文献[15, 16]在维度 $n = 20, 30$ 下对应的种群规模 $m = 40, 80$.

以上参数设置表明, 除 Griewank 函数以外的四个函数, 本文算法具有更小的群体规模和函数评

价次数. 很明显, 在进化代数相同的情况下, 当维度 $n = 20$ 时, 本文算法的函数总评价次数小于对比文献的算法; 当维度 $n = 30$ 时, 本文算法的函数总评价次数远小于对比文献算法.

在高维测试之后, 本文对四个测试函数在超高维 ($n = 100$) 下进行了多次随机试验并统计其仿真结果. 当数据值小于阈值 1×10^{-30} 时, 标注为 0, 表明达到高精度要求.

3.1 Ackley 函数

$$\min F_1 = -20 \exp \left(-0.2 \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n x_i^2} \right) - \exp \left[\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \cos(2\pi x_i) \right] + 20 + e, \quad (6)$$

其中 $x_i \in [-32, 32]$, 全局最优解 $x_i = 0$ ($i = 1, 2, \dots, n$), 全局最小值 $value = 0$, 图 5 给出了函数在维度取值为 2 时的曲面图形.

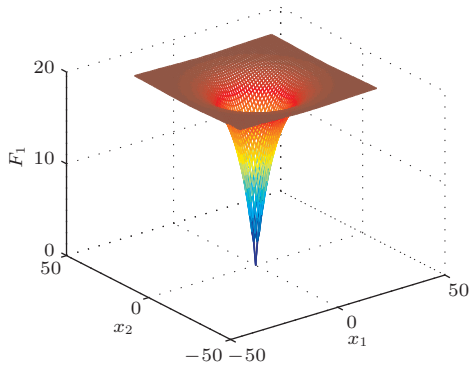


图 5 (网刊彩色)Ackley 函数二维曲面图 ($n = 2$)
Fig. 5. (color online) Two dimensional surface map of Ackley function ($n = 2$).

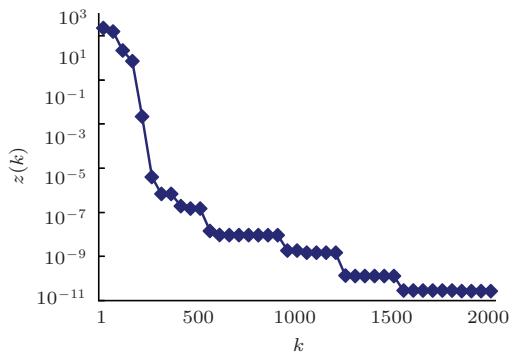


图 6 非基因信息免疫记忆优化算法的 Ackley 函数最小值演化图
Fig. 6. Evolution diagram of minimum of Ackley function by the immune memory optimization algorithm based on the non-genetic information.

为了观察非基因信息免疫记忆优化算法的收敛过程, 对 Ackley 函数的一次随机试验进行采样, 每隔 50 代记录当代的全局最优值, 图 6 给出了算法第 k 代进化搜索到的最小值 $z(k)$.

表 1 的试验结果是各种算法对函数进行随机试验 100 次, 取全局最优解的函数平均值作为评价指标, 其中对比结果取自文献 [15, 16] 的最好结果 (表 2—4 相同).

表 1 Ackley 函数高维仿真结果 ($G_{\max} = 1500, 2000$)
Table 1. The simulation results of Ackley function in high dimension ($G_{\max} = 1500, 2000$).

函数	维数	本文	CSA	对比文献
Ackley	20	4.29×10^{-12}	5.52×10^{-6}	3.91×10^{-15}
	30	5.67×10^{-12}	8.47×10^{-6}	1.26×10^{-14}

从表 1 可以看出, 本文和对对比文献的全局搜索结果与理论全局最优解之间的偏差小于 $\times 10^{-10}$, 均达到较高精度要求. 具体地, 对比文献的精度更高, 本文算法次之, CSA 算法精度较差. 考虑到本文算法的总函数评价次数在 30 维时小于对比文献的总函数评价次数的一半, 故本文算法花费较少的计算成本达到了较高精度要求.

3.2 Griewank 函数

$$\min F_2 = \frac{1}{4000} \sum_{i=1}^n x_i^2 - \prod_{i=1}^n \cos \left(\frac{x_i}{\sqrt{i}} \right) + 1, \quad (7)$$

其中 $x_i \in [-600, 600]$, 全局最优解 $x_i = 0$ ($i = 1, 2, \dots, n$), 全局最小值 $value = 0$. 图 7 是 Griewank 函数的维度取值为 2 时的曲面图形, 其全局最优解附近的曲面较平坦, 使得获取高精度的全局最优解比较困难, 而随着维度的增加, 函数在高维和超高维的情况下, 全局最优解的搜索将更加复杂.

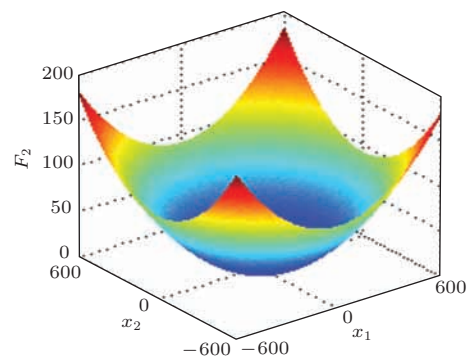


图 7 (网刊彩色)Griewank 函数二维曲面图 ($n = 2$)
Fig. 7. (color online) Two dimensional surface map of Griewank function ($n = 2$).

使用非基因信息免疫记忆优化算法对 Griewank 函数进行一次随机试验(设 $n = 30$, $G_{\max} = 1000$), 每隔 20 代采样一次的结果如图 8 所示.

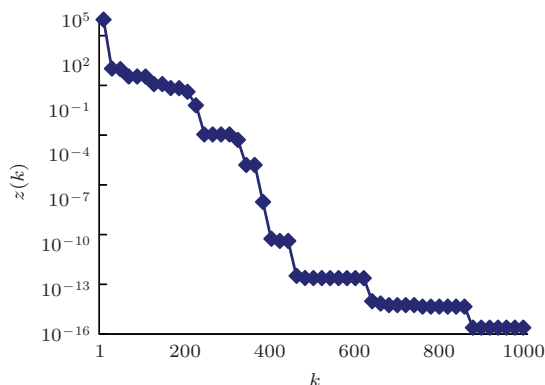


图 8 非基因信息免疫记忆优化算法的 Griewank 函数最小值演化图

Fig. 8. Evolution diagram of minimum of Griewank function by the immune memory optimization algorithm based on the non-genetic information.

对 Griewank 函数进行随机试验 100 次的仿真结果列于表 2, 当 $n = 20$ 时, 从仿真结果与理论全局最优值的偏差看出, 本文算法最优, 对比文献次之, CSA 最劣; 当 $n = 30$ 时, 本文算法最优, CSA 次之, 对比文献最劣.

表 2 Griewank 函数高维仿真结果 ($G_{\max} = 1500, 2000$)
Table 2. The simulation results of Griewank function in high dimension ($G_{\max} = 1500, 2000$).

函数	维数	本文	CSA	对比文献
Griewank	20	0	1.45×10^{-7}	4.62×10^{-15}
	30	0	1.05×10^{-7}	7.33×10^{-3}

本文算法获得的全局最优值小于 1×10^{-30} , 达到高精度要求. 但是算法的函数总评价次数高于对比算法, 因此, 为了在函数总评价次数大致相当的前提下进行比较, 缩短进化代数, 当 $n = 20$ 维时, $G_{\max} = \text{int}(40 \times 1500/166.2) = 361$; 当 $n = 30$ 维时, $G_{\max} = \text{int}(80 \times 2000/166.2) = 962$. 对函数进行随机试验 100 次后统计仿真结果列于表 3.

表 3 Griewank 函数高维仿真结果 ($G_{\max} = 361, 962$)
Table 3. The simulation results of Griewank function in high dimension ($G_{\max} = 361, 962$).

函数	维数	本文	CSA	对比文献
Griewank	20	1.62×10^{-5}	3.23×10^{-2}	4.62×10^{-15}
	30	3.95×10^{-14}	4.18×10^{-2}	7.33×10^{-3}

由于进化代数变小, 本文算法的全局最优值精度降低, 当 $n = 20$ 时, 对比文献最优, 本文算法次之, CSA 最劣; 当 $n = 30$ 时, 本文算法最优, CSA 与对比文献较劣. 结合表 2 和表 3 的数据, 对于 Griewank 函数, 与其他智能算法相比, 本文算法具备求解高精度的全局最优解的能力, 函数维度越高, 本文算法的全局收敛性能表现越好.

3.3 Rastrigin 函数

$$\min F_3 = 10n + \sum_{i=1}^n [x_i^2 - 10 \cos(2\pi x_i)], \quad (8)$$

其中 $x_i \in [-5, 5]$, 全局最优解 $x_i = 0$ ($i = 1, 2, \dots, n$), 全局最小值 value = 0. 图 9 给出了函数中心区域(全局最优解附近)的函数二维图像 ($n = 2$), 图 9(b) 是二维等高图, 其红色代表较大值区域, 蓝色代表较小值区域. 由图可知, 处于中心的全局最小值的四周分布着许多局部极小值, 因此, 该函数的寻优搜索极易陷于局部最优解中.

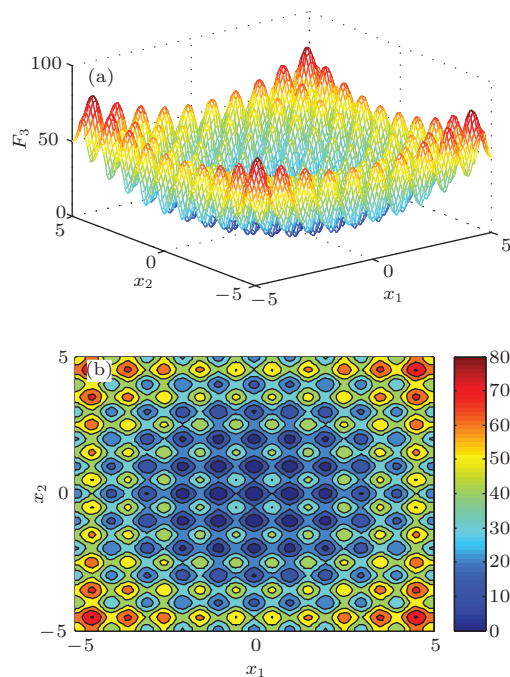


图 9 (网刊彩色)Rastrigin 函数二维示意图 ($n = 2$) (a) 二维曲面图; (b) 二维等高线

Fig. 9. (color online) Two dimensional map of Rastrigin function ($n = 2$): (a) two dimensional surface map; (b) two dimensional contour map.

运用各种算法对 Rastrigin 函数进行随机测试 100 次后统计结果列于表 4.

表 4 表明, 与对比文献和 CSA 算法相比, 本文算法获得的全局最优值小于 1×10^{-30} , 达到很高的

精度. 对比文献和 CSA 算法在 Rastrigin 函数问题的全局收敛性能表现不佳, 因为该函数具有局部最优解众多且分散在全局最优解的邻近区域的特点, 而本文算法有效地克服了局部最优的陷阱, 表现出很好的全局收敛性能.

表4 Rastrigin 函数高维仿真结果 ($G_{\max} = 1500, 2000$)
Table 4. The simulation results of Rastrigin function in high dimension ($G_{\max} = 1500, 2000$).

函数	维数	本文	CSA	对比文献
Rastrigin	20	0	7.53×10^{-6}	8.81
	30	0	0.299	1.58×10^1

3.4 改造的 Rastrigin 函数

在上面的三个测试函数中, 函数的全局最优解位于解空间的中心点, 为了干扰算法在解空间的全局搜索, 文献 [17] 对 Rastrigin 函数进行改造, 得到 (9) 式:

$$\min F_4 = 10n + \sum_{i=1}^n \{ [x_i^+ (-1)^{i-1} (i-1)]^2 - 10 \cos(2\pi x_i) \}, \quad (9)$$

其中 $x_i \in [-50, 50]$, 全局最优解 $x_i = (-1)^i (i-1)$ ($i = 1, 2, \dots, n$), 全局最小值 $value = 0$. 图 10 给出了函数中心区域 ($x_i \in [-5, 5]$) 的函数二维图像 ($n = 2$). 与原 Rastrigin 函数相比, 其全局最优解 ($x_1 = 0, x_2 = 1$) 发生了偏移, 随着维度的增加, 与中心点的偏移值越来越大, 增加了高维情况下的全局搜索难度.

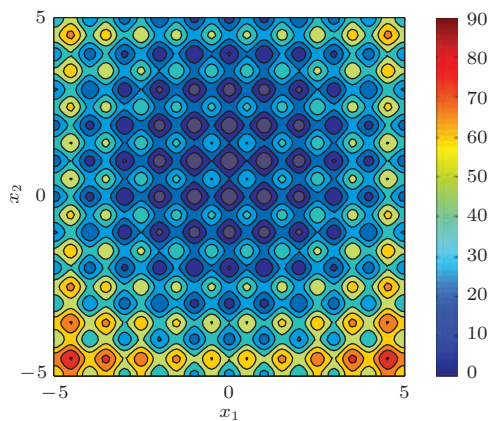


图10 (网刊彩色) 改造 Rastrigin 函数二维等高图 ($n = 2$)

Fig. 10. (color online) Two dimensional contour map of transformed Rastrigin function.

运用本文算法和 CSA 算法对改造的 Rastrigin 函数进行随机测试 100 次后统计结果列于表 5. 本

文算法获得的全局最优值小于 1×10^{-30} , 达到很高的精度; CSA 算法在 20 维能达到一定的精度要求, 但 30 维的全局寻优结果难以令人满意.

表5 改造的 Rastrigin 函数高维仿真结果 ($G_{\max} = 1500, 2000$)

Table 5. The simulation results of transformed Rastrigin function in high dimension ($G_{\max} = 1500, 2000$).

函数	维数	本文	CSA
改造的	20	0	3.74×10^{-5}
Rastrigin	30	0	0.673

与文献 [17] 对比, 本文算法对 10 维改造的 Rastrigin 函数进行试验, 取 $G_{\max} = 1000$, 本文算法得到 $z = 0$, 较文献 [17] 的结果 17.91 明显占优; 在 30 维时, 本文算法得到 $z = 0$, 较文献 [17] 的结果 309.43 更有优势. 从每代计算成本来看, 与维度取值无关, 本文算法的每代函数评价次数为 36.7, 而文献 [17] 算法的每代函数评价次数为 1000, 因此, 算法在计算成本大幅降低的同时表现出更优的全局寻优能力.

3.5 算法在超高维下的仿真试验

为了进一步验证算法在更大规模变量构建的复杂空间中的表现, 本文对算法在上述函数的维度取值为 100 时进行仿真试验 ($n = 100$). 最大进化代数取值 5000 ($G_{\max} = 5000$), 每个函数进行随机测试 50 次后得到算法最优解, 并统计这 50 次算法最优解的平均值、最优值、最劣值、标准差, 以及算法的平均评价次数和收敛率. 值得说明的是, 考虑到改造 Rastrigin 函数的全局最优解为全局最优解 $x_i = (-1)^i (i-1)$ ($i = 1, 2, \dots, n$), 当维度 $n = 100$ 时, $x_{100} = 99$, 因此, 对这两个函数的变量解空间进行扩展为 $x_i \in [-500, 500]$.

当算法取得的全局最优值与函数理论最优值的差值小于阈值 1×10^{-8} 时, 认为算法搜索到全局最优点, 即全局收敛成功, 此时, 统计函数评价次数. 对每一函数都独立运行 50 次并统计其收敛率. 仿真结果列于表 6, 表中的数据值小于阈值 1×10^{-30} 时, 标注为 0.

非基因信息免疫记忆优化算法在测试 100 维的 Ackley 函数、Griewank 函数、Rastrigin 函数时均能达到全局收敛要求, 收敛率为 100%, 且 Griewank 函数、Rastrigin 函数的全局最优值都小于 1×10^{-30} , 实现了很高的精度.

表6 测试函数在超高维下的仿真结果 ($n = 100, G_{\max} = 5000$)Table 6. The simulation results of five functions in super high dimension ($n = 100, G_{\max} = 5000$).

函数	n	平均评价次数	收敛率/%	平均值	最优值	最劣值	标准差
Ackley	100	39878	100	1.55×10^{-13}	8.87×10^{-14}	2.14×10^{-13}	2.13×10^{-14}
Griewank	100	167640	100	0	0	0	0
Rastrigin	100	99051	100	0	0	0	0
改造的 Rastrigin	100	159646	50	2.28×10^{-1}	0	9.95×10^{-1}	3.92×10^{-1}

改造的 Rastrigin 函数的收敛率为50%，一半的测试能达到小于阈值 1×10^{-8} 的要求，但仍有一半的测试没能达到预定精度。下面采取延长进化代数和扩大种群规模的方法来进一步测试该函数，设 $G_{\max} = 10000, m = 4$ ，进行随机独立运行50次统计结果：平均评价次数为167159，收敛率为100%，平均值为 8.88×10^{-17} ，最优值为0，最劣值为 1.77×10^{-15} ，标准差为 3.87×10^{-16} 。通过增加进化迭代和扩大种群规模，非基因信息免疫记忆优化算法对于100维改造的 Rastrigin 函数能够在解空间中搜索到全局最优解，得到高精度的全局最优值。

4 结 论

在仿真试验中，使用非基因信息免疫记忆优化算法对标准测试函数进行求解，试验结果表明算法可以搜寻到精度很高的全局最优解。与其他智能优化算法比较，非基因信息免疫记忆优化算法具有种群规模较小、收敛速度快、收敛精度高的优势。

在对不同类型的函数的多次随机试验中，非基因信息免疫记忆优化算法表现出很好的稳定性和鲁棒性。在超高维的情况下，算法在超高维的解空间中表现出很好的全局寻优性能，这表明算法面对大规模维度空间的全局搜寻任务更有潜力。

参考文献

[1] de Castro L N, Von Zuben F J 2002 *IEEE Trans. Evol. Comput.* **6** 239

[2] Wang Y C, Zhao Q C, Wang A B 2008 *Chin. Phys. B* **17** 2373

[3] Zu Y X, Zhou J 2012 *Chin. Phys. B* **21** 019501

[4] Hao M L, Xu W, Gu X D, Qi L Y 2014 *Chin. Phys. B* **23** 090501

[5] Zhang Z H, Yue S G, Liao M, Long F 2014 *Soft Comput.* **18** 185

[6] Mininno E, Neri F, Cupertino F, Naso D 2011 *IEEE Trans. Evol. Comput.* **15** 32

[7] Sabar N R, Ayob M, Kendall G, Qu R 2013 *IEEE Trans. Evol. Comput.* **17** 840

[8] Bouaziz S, Alimi A M, Abraham A 2014 *Proceedings of the 2014 IEEE Congress on Evolutionary Computation* Beijing, China, July 6–11, 2014 p1951

[9] Liu R C, Jia J, Zhao M L, Jiao L C 2007 *Control Theor. Appl.* **24** 777 (in Chinese) [刘若辰, 贾建, 赵梦玲, 焦李成 2007 控制理论与应用 **24** 777]

[10] Zitzler E, Thiele L 1999 *IEEE Trans. Evol. Comput.* **3** 257

[11] Zitzler E, Laumanns M, Thiele L 2001 *Proceedings of the 2001 EUROGEN on Evolutionary Methods for Design, Optimization and Control with Applications to Industrial Problems* Athens, Greece 2001 p95

[12] Cai Z X, Wang Y 2006 *IEEE Trans. Evol. Comput.* **10** 658

[13] Wang J, Li B 2011 *Comput. Integrat. Manufact. Syst.* **17** 858 (in Chinese) [王君, 李波 2011 计算机集成制造系统 **17** 858]

[14] Qian J, Zheng J G 2012 *J. Xi'an Jiaotong Univ.* **46** 51 (in Chinese) [钱洁, 郑建国 2012 西安交通大学学报 **46** 51]

[15] Li P C, Wang H Y, Song K P, Yang E L 2012 *Acta Phys. Sin.* **61** 060302 (in Chinese) [李盼池, 王海英, 宋考平, 杨二龙 2012 物理学报 **61** 060302]

[16] Fang W, Sun J, Xie Z P, Xu W B 2010 *Acta Phys. Sin.* **59** 3686 (in Chinese) [方伟, 孙俊, 谢振平, 须文波 2010 物理学报 **59** 3686]

[17] Liu L Z, Zhang J Q, Xu G X, Liang L S, Huang S F 2013 *Acta Phys. Sin.* **62** 170501 (in Chinese) [刘乐柱, 张季谦, 许贵霞, 梁立嗣, 黄守芳 2013 物理学报 **62** 170501]

An immune memory optimization algorithm based on the non-genetic information*

Song Dan^{1)2)†} Fan Xiao-Ping¹⁾²⁾ Liu Zhong-Li²⁾

1) (School of Information Science and Engineering, Central South University, Changsha 410083, China)

2) (Department of Information Management, Hunan University of Finance and Economics, Changsha 410205, China)

(Received 3 February 2015; revised manuscript received 12 March 2015)

Abstract

In order to improve the ability to optimize artificial immune algorithm, the memory mechanism of non-genetic information is introduced into optimization algorithm. An immune memory optimization algorithm based on the non-genetic information is proposed.

Emulating human society education and experiential inheritance mechanism, the algorithm takes, stores and uses non genetic information in the evolutionary process of the population. By setting up a separate memory base, the algorithm stores non genetic information, and guides the subsequent search process. The algorithm uses the short-term memory of the prior knowledge and guides the subsequent evolution, which can increase the intelligence of search and reduce the blind search and repeat the search.

The immune memory optimization algorithm based on the non-genetic information includes key operators: mutation operator, crossover operator and complement operator. The mutation operator is able to efficiently use non genetic information of grandparents to search, which can speed up the local search efficiency. In addition, the threshold to control the search depth of single dimension can avoid falling into local optimal solution making the evolutionary stand-still. Through calculating comprehensive information about contemporary populations of all antibodies, complementary operator produces new antibodies containing excellent gene fragment in the global solution space. With small probability rules, crossover operator happens in an interval of multi generation, choosing the optimal antibody and a random antibody to exchange information about a single dimension. Crossover operator and complement operator can both be conducive to jumping out of optimal location.

In simulation experiment, the immune memory optimization algorithm based on the non-genetic information uses four standard test functions: Ackley function, Griewank function, Rastrigin function, and transformed Rastrigin function. In order to better compare with contrast algorithm, in the case of high dimension the values of dimension are 20 and 30, and the experiment tests the four functions to make the statistical analysis of the results. On the other hand, to further test optimal performance of the algorithm in a more global massive space, multiple random experiment is carried out in the case of dimension 100.

Compared with other intelligent algorithm, the simulation experiment with standard test functions of high dimension indicates that the new algorithms are superior in convergence speed, convergence precision and robustness comparison algorithm. In addition, the simulation results in the super high dimension show that the new algorithm has the global searching ability in high-dimensional solution space.

Keywords: optimization algorithm, immune memory, non-genetic information, numerical calculation

PACS: 02.60.Pn, 02.60.Cb

DOI: 10.7498/aps.64.140203

* Project supported by the National Natural Science Foundation of China (Grant Nos. 61402540, 611103108), and the Research Foundation of Education Bureau of Hunan Province, China (Grant Nos. 12B021, 13A010).

† Corresponding author. E-mail: s1020d@126.com