

一种小生境遗传算法研究

乔佩利¹, 郑 林², 马丽丽¹

(1 哈尔滨理工大学 计算机科学与技术学院, 黑龙江 哈尔滨 150080)

2 黑龙江师范学院 计算机科学与技术学院, 黑龙江 牡丹江 157012)

摘 要:改进的小生境技术遗传算法因其较好地保持了种群多样性,显示出更优的性能,但它存在操作复杂、比简单遗传算法更费时的缺陷,针对此问题提出一种基于群体间共享的小生境遗传算法.该算法在多模函数的优化中能够保持种群多样性的稳定性,获取合适的子种群规模,从而以更快的收敛速度获得更优的解.研究表明,该算法不但可以有效地克服标准遗传算法的缺陷,而且计算速度和算法稳定性也得到了显著提高.

关键词:遗传算法;小生境技术;早熟收敛

中图分类号:TH 166 **文献标志码:**A **文章编号:**1007-2683(2011)01-0090-04

Research on a Niche Genetic Algorithm

QIAO Pei-li¹, ZHENG Lin², MA Li-li¹

(1 Computer Science and Technology College, Harbin University of Science and Technology, Harbin 150080, China)

2 Computer Science and Technology College, Mudanjiang Normal University, Mudanjiang 157012, China)

Abstract The improved Genetic Algorithm based on Niche technique shows a better performance because it keeps the population diversity well, but it is more complex than SGA in operation and is more time-consuming. This paper presents a new method based on populations sharing. It can keep the population diversity stable and determine a suitable size of sub population in optimization of multimodal functions, so it can obtain more optimal solutions at a much higher speed. The research results show that new algorithm can not only overcome the shortcomings of SGA effectively but also evidently improve the computing speed, computing precision and stability of the algorithm.

Key words genetic algorithm; Niche technology; premature convergence

0 引 言

群体中个别个体大量集中是导致传统遗传算法的早熟收敛缺陷,虽然交叉和变异可以产生新个体,但是不能改变对个别个体大量积聚的状况,对搜索空间解不能有效的跳出当前解空间,进而造成进化停滞不前,搜索空间解陷入局部寻优的泥潭^[1-4].最初为了解决多峰函数的最优化问题提出了小生境技

术,该技术保证了群体多样性在进化过程中维持相对的稳定,并且改善了传统遗传算法的全局寻优能力^[5-7].

由于小生境遗传算法在形成子种群时,子种群规模是预先确定的,且不能改变,这使得确定子种群规模是比较困难的.子种群规模过大,则种群起不到保持多样性的作用,并且种群多样性容易被破坏;子种群规模过小,则算法的额外计算量更加费时^[8-10].因此,根据种群多样性的变化,本文所采用

收稿日期: 2009-10-26

作者简介: 乔佩利(1951-),男,教授,博士生导师, E-mail: gaopei@ yahoo.com.cn

郑 林(1984-),男,助教.

的基于群体间共享的改进小生境遗传算法对于保持种群多样性与全局收敛性能和收敛速度上起到了积极作用。

1 小生境技术和小生境遗传算法

Goldberg 在 1989 年提出了基于共享机制的小生境^[5]思想方法。这种实现方法通过反映个体之间相似, 程度的共享函数来调整群体中各个个体的适应度, 从而在以后的群体进化过程中, 算法可以依据调整以后的新适应度进行选择运算, 以维护群体的多样性, 创造小生境的进化环境。

普通的进化算法 (无论是原始的 PSO 算法还是 GA 算法) 对于一个优化问题只能发现一个最优解。当面临一个多模优化问题时需要发现多个最优解时, 普通的进化计算技术这时将无能为力。而小生境技术就是一种方法, 它能使普通进化算法具有发现多个最优解的能力。

小生境遗传算法源于遗传算法, 在以往的遗传算法应用中, 最优保留策略实际上体现了这种实现方法, 保证了进化过程中历代出现的最佳个体不会自动丢失, 并向靠近最优解的方向进行搜索。尽管目前很多进化计算技术, 如 PSO、微分进化 DE (differential evolution) 都已经提出了自己的小生境技术, 但目前遗传算法在小生境技术中仍然占据着突出的地位, 对基于其他进化算法的小生境技术仍具有指导作用。

2 算法基本思想

1) 启发式调度算法初始群体。小生境遗传算法总群的初始化通过启发式算法的优先规则, 从而生成的编码链具有较高的适应度, 同时为了保证初始群体的多样性, 用初始群体生成模块随机生成另一部分编码链。这样, 二者的结合有望获得初始群体的多样性和高适应性的统一, 有利于加速进化过程。

2) 群体间共享度。共享函数 (sharing function) 是表示群体中两个个体之间密切关系程度的一个函数^[4], 可记为 $Q(F_{xy})$, 其中 F_{xy} 表示个体 x 和个体 y 之间的关系。共享函数是表示群体中两个个体之间密切关系程度的一个函数, 可记为 $P(i, j)$, $P(i, j) = 1 - d(i, j) / \rho$ 个体基因型之间的海明距离表示为

$$d(i, j) = \|X_i - X_j\| = \sqrt{\sum_{k=1}^p (x_{ki} - x_{kj})^2} \quad (k \leq p)$$

$$(i = 1, 2, \dots, N-1; j = i+1, i+2, \dots, N)$$

式中: X_i, X_j 分别为第 i 和第 j 个体; N 为初始化种群数目。当个体之间比较相似时, 其共享函数值就比较大; 反之, 其共享函数值就比较小。群体间共享度是个体在群体中共享程度的一种度量, 它定义为该个体与群体内其它个体之间的共享函数值之和, 用 F_s 表示每个子群体体的共享: $F_s = \sum_{i=1}^{\max_popsize} P(i, j)$, 用

$$F_{share} \text{ 表示共享群体的共享度: } F_{share} = \sum_{j=1}^M F(d(i, j)) \quad (j = 1, 2, \dots, \max_ps).$$

当子群体进化了预定代数 n 之后, 计算每个子群体的平均适应度, 挑选平均适应度最好的子群体作为共享群体。计算每个子群体内每两个个体之间的海明距离, 然后按照一定的比例, 如取 $N = \max_popsize$ 来计算每个子群体内的 $P(i, j)$, 则可计算出每个子群体的共享度 F_k 和共享群体的共享度 F_{share} 。再对子群体的共享度和共享群体的共享度进行比较, 共享群体自身的适应度也调整为 $f'(x_i) = \frac{f(x_i)}{\sum_{j=1}^N P(x_i, y_j)}$, 子群体的规模调整为 $PS = \frac{F_k}{\sum_{k=1}^M F_k + F_{share}} \sum_{i=1}^k PS$ 并对其他的子群体进行如下调整, 即

$$f' = \begin{cases} f \exp(-\frac{f}{F_{share}}), & (F_k < F_{share}) \\ f \exp(+\frac{f}{F_{share}}), & (F_k > F_{share}) \end{cases}$$

3) 提高算法全局收敛性。为了提高算法全局收敛性能, 并保证优秀个体不因交叉变异而被破坏, 本文采用最优保存策略进化模型来进行优胜劣汰操作, 并运用轮盘赌输机制选择 2 个优良个体保留到下一代; 变异操作也在各个小生境中按概率 P_m 进行。对小生境中的最佳个体变异时应用 $(\mu + \lambda)$ 选择机制保证全局收敛性。

4) 遗传操作算子的设计。遗传操作算子是确定小生境的个体之间的适应度, 并通过共享函数来调整个体的适应度。根据调整后的新适应度按轮盘赌输机制, 并按一定的比率选择个体进行交叉、变异。

交叉操作是按交叉率进行操作产生新的个体, 变异操作是在交叉后挑选出两个个体之间进行的。本文采用一种新的变异机制, 目的是为了保留子群

体的有效基因不会发生缺失. 与传统的变异方法不同, 这种变异需要两条染色体参与, 称为二元变异. 即保留两个体基因位上基因值相同的基因, 若不同则将基因位的值变异为 0 并引入个体适应度较高的作随机变异. 例如: 染色体 1 为 10101100110011 染色体 2 为 11011001110101 执行二元变异后, 新染色体为 10001000110001 染色体 1 中有 8 条待选路线, 染色体 2 中有 9 条待选路线, 执行二元变异后待选路线有 5 条, 进而降低待选路线的冗余度. 进而保本了变异后的个体性状更优良, 保证进化的方向朝着全局优化的方向进行.

3 算法实现

根据上述基本思想, 本文算法设计了一个群体共享度, 根据它来调整其他子群体的适应度, 还可以动态的调整子群体的规模, 造就小生境环境, 同时也保证了能获得更多的最优解. 同时, 改进算法的整体框架内, 集成了最优保留策略和基于群体间共享的小生境技术. 最优保留策略保证了算法的收敛性, 小生境技术保证了解的多样性. 下面是算法的具体步骤如下:

- Step 1: 选择合适的编码规则.
- Step 2 初始化参数, 遗传代数 T 、种群大小 N 、交叉概率 P_c 、变异概率 P_m .
- Step 3 用启发式调度算法生成初始群体一半个体的染色体编码串, 用随机生成的编码链的算法生成初始群体另一半个体的染色体编码串.
- Step 4 将初始种群分割成若干个子群体 (小生境), 并在子群体 (小生境) 之间各自独立进行交叉、变异操作产生子代种群.
- Step 5 对每个个体进行解码变换.
- Step 6 计算每个子群体的平均适应度, 根据上述定义 2 挑选出平均适应度最好的子群体作为共享群体.
- Step 7 在每个子群体中, 依据一定的比例选出一定数量的优良个体, 并计算群体内这些个体的海

- 明距离和每个子群体的共享度 S_k .
- Step 8 其他子群体的共享度与共享群体的共享度相比较, 根据二者之间的大小来乘以一个惩罚函数, 从而调整其他子群体适应度和规模, 同时保留最优个体.
- Step 9 根据调整后的种群适应度重新选择产生新的子群体.
- Step 10 对解群中连续几代表现最差的群体, 予以剔除并产生同等规模的新子群体.
- Step 11: 收敛性判定, 如果满足收敛性条件, 或已经进化了规定的代数, 则结束进化过程, 否则返回 Step 4

4 改进算法性能验证

为了检验算法的实现效果, 本文选择了 3 个典型测试函数进行测试.

- 1) Haystack 函数 F_1
$$f(x_1, x_2) = \left(\frac{a}{b + (x_1^2 + x_2^2)} \right)^2 + (x_1^2 + x_2^2)^2 x_1,$$
$$x_2 \in [-5 \ 12 \ 5 \ 12], a = 3.0 \ b = 0.05$$
- 2) Camel 函数 F_2
$$f(x_1, x_2) = [4 - 2.1x_1^2 + \frac{x_1^4}{3}]x_1^2 + x_1x_2 + (-4 + 4x_2^2)x_2^2 \quad x_1, x_2 \in [-100 \ 100]$$
- 3) Schaffer 函数 F_3
$$f_2(x_1, x_2) = 0.5 - \frac{\sin^2 \sqrt{x_1^2 + x_2^2} - 0.5}{[1.0 + 0.001(x_1^2 + x_2^2)]^2}$$
$$x_1, x_2 \in [-100 \ 100]$$

分别采用基于群体内个体适应度共享的小生境遗传算法 (NGASIP) 和本文所提出的一种基于群体间共享的小生境遗传算法 (NGASBP) 对以上 3 个函数进行测试. 测试参数设置为: 种群规模 $N = 100$ 最大进化代数为 $T = 600$ 参数向量精确度小于 0.02 在 NGASIP 及 NGASBP 中固定杂交概率为 $P_c = 65\%$, 变异概率为 $P_m = 4\%$. 为了消除随机干扰, 每次测试实验都进行 200 次, 具体结果如表 1 所示.

表 1 NGASIP 和 NGASBP 算法性能比较

函数	平均迭代数		时间 /s		收敛率 /%		最优解		平均性能	
	NGASIP	NGASBP	NGASIP	NGASBP	NGASIP	NGASBP	NGASIP	NGASBP	NGASIP	NGASBP
F_1	215.6	3.8	121.6	2.45	29	100	0	0	0.127	0.022 3
F_2	198.8	7.31	110.3	4.96	0	98	—	3.0	0.304	0.743
F_3	183.3	19.5	101.9	20.4	0	100	—	-2.124 7	0.219	-1.132

由表 1 结果可见: 与 NGASIP 算法相比, 本文算法能很好地解决复杂优化函数寻优问题, 避免陷入局部最优, 提高了局部寻优能力和全局搜索效率, 同时也显著地提高了稳定性. 避免了早熟现象, 改善了算法的收敛性能.

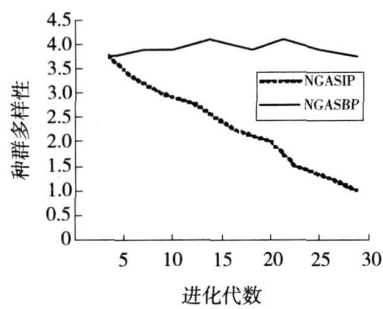


图 1 NGASIP 与 NGASBP 的种群多样性对比

图 1 为 NGASIP 与 NGASBP 的种群多样性的对比,, 由图 1 可见, NGASBP 在算法的运行过程中维持了种群多样性, 而 NGASIP 则在种群进化过程中快速的丧失的种群多样性.

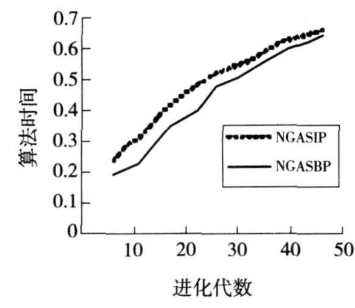


图 2 NGASIP 与 NGASBP 的运行时间对比

如图 2 所示, 对 NGASIP 与 NGASBP 的运行时间作了对比. 可知改进的小生境遗传算法在进化到同一代数时, 在时间消耗上始终比 NGASIP 的运行时间要快. 本文的 NGASBP 算法的时间消耗始终在

NGASIP 的时间消耗曲线右下方.

5 结 语

改进算法采用了一种基于群体间共享机制的小生境技术, 适应度调整 它以求种群共享度作为挑选个体的标准, 提高优良个体被选择的概率, 同时, 其他子群体的个体适应度根据共享群体的适应度进行调整, 这样就能够更有效地利用优良种群的特性, 改善种群的品质.

参 考 文 献:

[1] MAHFOUD SW, GOLDBERG D E A Genetic Algorithm for Parallel Simulated Annealing[J]. Parallel Problem Solving from Nature2 North Holland 2002 26(3): 301- 310.
[2] 周明, 孙树栋. 遗传算法原理和应用 [M]. 北京: 国防工业出版社, 2005: 86- 110.
[3] THIENS D. Scalability Problems of Simple Genetic Algorithms [J]. Evolutionary Computation, 2009 7(4): 323- 340
[4] 爱新觉罗·川, 闵乐泉. 一种基于 DNA 计算的改进遗传算法 [J]. 哈尔滨理工大学学报, 2008 13(3): 57- 61
[5] 韩英仕, 郭鹏飞, 朱朝艳. 小生境遗传算法记载离散变量优化设计中的应用 [J]. 工程力学, 2007(1): 644.
[6] 喻寿益, 郭观七. 一种改善遗传算法全局搜索性能的小生境技术 [J]. 信息与控制, 2009 30(6): 512
[7] Addison-wesley M A, Goldberg D E. Genetic Algorithms in Search [J]. Optimization and Machine Learning 2009, 8(2): 160- 173
[8] 肖宏峰, 谭冠政. 基于单纯行的小生境混合遗传算法 [J]. 小型微型计算机系统, 2008 21(2): 4- 8
[9] 黄聪明, 陈湘秀. 小生境遗传算法的改进 [J]. 北京理工大学学报, 2004, 24(8): 675- 678.
[10] 姚建斌, 行小帅, 霍冰鹏. 基于免疫规划的单亲遗传算法研究及其应用 [J]. 系统工程与电子技术, 2007 32(4): 636- 639.

(编辑: 温泽宇)