

一种基于生物激素调节机理的优化遗传算法

徐群叁, 张小峰, 宋丽华

XU Qun-san, ZHANG Xiao-feng, SONG Li-hua

鲁东大学 信息科学与工程学院, 山东 烟台 264025

School of Information Science and Engineering, Ludong University, Yantai, Shandong 264025, China

E-mail: xqsyt@163.com

XU Qun-san, ZHANG Xiao-feng, SONG Li-hua. Optimized Genetic Algorithm based on adjustment mechanism of biologic incretion. Computer Engineering and Applications, 2009, 45(35): 56-58.

Abstract: In this paper, a self-adaptive genetic algorithm based on the adjustment mechanism of biological incretion is proposed to resolve the issues existing in standard genetic algorithm, such as early mature and slow evolution. This algorithm can full play the role of individual had fine quality, ensure high degree of population diversity and quality, so as to enhance the speed of evolution and avoid the premature. The simulation results have shown that the proposed genetic algorithm has good accuracy of finding optimization method and rapid convergence rate.

Key words: Genetic Algorithm; biologic incretion; Self-Adaptive

摘要: 针对标准遗传算法存在着早熟、进化缓慢等不足, 基于生物激素调节规律, 提出一种改进型的自适应遗传算法。该遗传算法能够充分发挥优良个体的作用, 保证种群的高度多样性和优良性, 从而提高进化速度和避免早熟现象。最后的仿真结果表明, 在相同环境下, 改进后的遗传算法比标准算法具有较好的寻优搜索精度和较快的收敛速度。

关键词: 遗传算法; 生物激素; 自适应

DOI: 10.3778/j.issn.1002-8331.2009.35.018 **文章编号:** 1002-8331(2009)35-0056-03 **文献标识码:** A **中图分类号:** TP301.6

1 引言

标准遗传算法的操作算子一般包括选择、交叉和变异三种基本形式。遗传算法流程包括编码、产生初始种群、适应度计算、选择、交叉、变异和终止判断等^[1-3]。选择是遗传算法中最主要的机制, 也是影响遗传算法性能最主要的因素。从当前群体中选择出适应度比较高的个体用于繁殖下一代。交叉是遗传算法具备的原始性的独有特征, 对两个父代个体的相同位置的基因进行交换, 从而产生新个体。其作用是将原有的优良基因遗传给下一代个体, 并生成包含更复杂基因的新个体。变异操作是模拟生物体进化中染色体上某位基因发生突变现象, 从而改变染色体的结构和物理形状。具体流程如下^[2-3]:

(1) 编码设计: 把所有的输入变量组成个体, 然后对其编码。编码方式包括二进制编码和实数编码两种形式。

(2) 产生初始群体: 一般利用随机方式产生初始群体。

(3) 个体评价: 根据定义的适应度函数 f , 计算每个个体的适应度 $f(b_i)$, 其中 b_i 表示第 i 个个体。

(4) 选择复制: 根据适者生存的原则, 选择复制产生作为繁殖下一代的父代个体。在选择复制时, 根据适应度确定每个个体选择复制为下代个体数量为:

$$P(b_i) = \frac{f(b_i)}{\sum_{i=1}^n f(b_i)} N \quad (1)$$

式中, N 为群体中的总个体数量。可见, 适应度越高, 作为父代个体的次数越多; 反之亦然。这样就容易产生对环境适应能力比较强的后代。

(5) 交叉: 在用于繁殖下代个体中随机选择两个个体, 按照交叉概率 P_c 在选中的位置进行基因交换。杂交概率的取值范围一般为 0.25~0.75。

(6) 变异: 根据生物遗传中基因变异的原理, 以变异概率对某些个体的某些位进行变异: 即把对应变异位进行求反操作。变异概率 P_m 一般取值较小, 一般取值范围为 0.01~0.20。

(7) 中止判断: 重复(3)~(6)直到满足搜索精度或达到最到搜索步数。

标准遗传算法的优点是^[4]: 采用群体并行搜索寻找最优解; 对适应度函数的性质无特殊要求, 普遍适用性好; 具有极强的容错能力; 使用概率搜索技术, 增加搜索过程的灵活性; 具有较强的鲁棒性等。当然也存在不少缺点: 在遗传进化初期, 容易产生早熟现象; 在遗传进化后期, 容易出现进化缓慢; 父代个体的选择, 不能保证每个优良个体都被选择; 两个父代个体进行交

作者简介: 徐群叁(1974-), 男, 讲师, 主要研究领域为计算机网络与智能算法; 张小峰(1978-), 男, 讲师, 主要研究领域为智能信息处理, 粗糙集理论; 宋丽华(1965-), 女, 副教授, 主要研究领域为遗传算法, 信息智能处理。

收稿日期: 2008-10-15 **修回日期:** 2009-01-07

又后, 不能保证产生的新个体的适应度高于父代个体等。

2 基于生物激素调节的优化遗传算法

L.S.Farhy 曾提出了对生物激素腺体分泌激素的通用规律^[5]: 激素的变化规律具有单调性和非负性, 激素分泌调节的上升和下降遵循 Hill 函数规律, 如式(2)和(3)所示:

$$F_{up}(G) = \frac{G^n}{T^n + G^n} \quad (2)$$

$$F_{down}(G) = \frac{T^n}{T^n + G^n} \quad (3)$$

式中, G 是函数自变量; T 为阈值, 且 $T > 0$; n 为 Hill 系数, 且 $n \geq 1$; n 和 T 共同决定曲线上升和下降的斜率。该函数具有如下性质:

- (1) $F_{up} = 1 - F_{down}$
- (2) $F_{up, (down)}(T) = 1/2$
- (3) $0 \leq F_{up, (down)}(G) \leq 1$

如果激素 x 受激素 y 调控, 则激素 x 的分泌速率 S_x 与激素 y 的浓度 C_y 的关系为:

$$S_x = \alpha F_{up, (down)}(C_y) + S_{x, basal} \quad (4)$$

式中, $S_{x, basal}$ 表示激素 x 的基础分泌速率, α 为常量系数。

针对遗传算法存在缺点, 基于上述生物激素调节规律, 提出一种改进型的自适应遗传算法(HGA)。该遗传算法能够充分发挥优良个体的作用, 保证种群的高度多样性和优良性, 从而提高进化速度和避免早熟现象。对遗传算法的改进之处包括:

(1) 父代个体的产生: 在标准 GA 算法中, 根据个体的适应度按照(1)确定每个个体的去留性并进行复制。在该改进遗传算法中, 没有对父代个体复制操作。根据(1), 确定所有 $P(b_i) \geq 1$ 的个体选择为父代个体。并选择适应度最高的个体作为精英个体。

(2) 交配: 在标准遗传算法中, 在选择复制产生的父代个体中, 随机选择 2 个按照一定的交叉概率进行基因位对换, 产生 2 个子代个体。在这种标准算法中, 不能有效避免近亲繁殖现象(甚至包括自身与自身)。在 HGA 中, 按照一定顺序选择一个父代个体作为父本体, 再在其他父代个体中随机选择 $P(b_i)$ 个个体作为母本体, 按照一种自适应概率因子, 依次进行交配, 产生 $P(b_i)$ 个子个体。注意, 在一次交配过程中, 仅产生一个子个体, 这样更符合人类的繁殖遗传规律。在交配过程中, 实时检验新产生个体的适应度。如果适应度低于父代个体, 则新个体被删除并以父代个体替代。直到所有的父代个体均被选择为父本体一次, 整个交配过程结束。总共产生的子代个体数量为:

$$N_c = \sum_{i=1}^n P(b_i) \quad (5)$$

自适应交叉概率因子根据激素调节规律设计为:

$$P_c = P_c^0 \left(1 + \alpha \frac{f_{av}^n}{(f_{max} - f_{min})^n + f_{av}^n} \right) \quad (6)$$

式中, P_c , P_c^0 , f_{av} , f_{max} , f_{min} 分别是交叉概率、初始交叉概率、个体的平均适应度、最大适应度和最小适应度; α , n_c 是系数因子, 且 n_c 控制 Hill 函数的斜率。随着平均适应度的增加, 交叉概率因子也随之增加; 反之亦然。

(3) 变异: 在标准算法中, 选择所有产生的子代个体按照一定的变异概率进行变异, 是对子代个体群个体的变异操作, 且变异的概率因子是常数。在该改进的遗传算法中, 是从优良个体中随机选择 $(N - N_c)$ 个个体进行变异操作, 并用精英个体替换掉所有的最后一个变异的个体, 保证精英个体进入子代个体。这样通过变异, 总共产生 $(N - N_c)$ 个子代个体。同样在变异过程中, 实时检验新产生个体的适应度。如果适应度低于父代个体, 则新个体被删除并以原个体替代。

为了加快收敛速度或增加个体多样性, 同样按照激素调节规律, 设计一种自适应变异因子。具体变异概率如下:

$$P_m = P_m^0 \left(1 + \beta \frac{f_{av}^n}{(f_{max} - f_{min})^n + f_{av}^n} \right) \quad (7)$$

式中, P_m , P_m^0 分别是变异概率、初始变异概率, β , n_m 是系数因子。这样交叉和变异过程产生的新个体组成下一代种群。

具体计算步骤与标准遗传算法类似:

(1) 个体定义编码: 把所有待辨识的参数组成个体, 并分别采用实数方式进行编码;

(2) 产生初始种群: 根据工艺机理或经验常识确定搜索空间, 然后在搜索空间内均匀产生初始种群;

(3) 计算适应度: 判断是否符合精度要求, 如果满足则跳转(8)停止搜索; 否则继续进行;

(4) 选择父代个体: 按照适应度大小, 选择产生父代个体, 并选择适应度最高的个体为精英个体;

(5) 交叉: 按照前面所述交配过程, 产生 N_c 个子代个体;

(6) 变异: 按照前面所述变异过程, 产生 $N - N_c$ 个子代个体;

(7) 形成下代种群: 交叉和变异过程产生的新个体组成下一代种群, 重复(3)到(7)直到满足收敛条件或达到最大搜索步数为止。

(8) 结束寻优搜索。

具体寻优流程如图 1 所示。

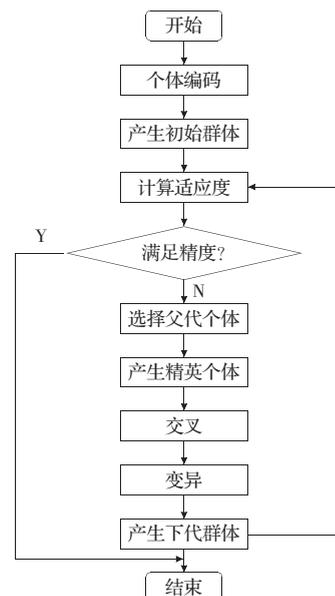


图 1 改进后遗传算法流程

与标准遗传算法相比, 该算法的改进之处有:

(1) 没有复制操作;

表1 测试对比结果

| 测试函数 | 次数 | 标准遗传算法 | | | 改进遗传算法 | | |
|------|----|----------|---------|--------------|----------|---------|--------------|
| | | x_1 | x_2 | 最优值 | x_1 | x_2 | 最优值 |
| 式(8) | 1 | 11.628 2 | 5.725 3 | 38.843 0 | 11.625 4 | 5.725 1 | 38.850 3 |
| | 2 | 11.625 5 | 5.725 3 | 38.849 5 | 11.625 5 | 5.725 1 | 38.850 3 |
| | 3 | 11.628 2 | 5.724 8 | 38.843 2 | 11.625 5 | 5.725 0 | 38.850 3 |
| | 4 | 11.628 3 | 5.724 9 | 38.843 0 | 11.625 5 | 5.725 3 | 38.849 6 |
| | 5 | 11.628 4 | 5.725 2 | 38.842 6 | 11.625 5 | 5.725 1 | 38.850 3 |
| | 6 | 11.625 7 | 5.725 5 | 38.847 8 | 11.625 4 | 5.725 0 | 38.850 3 |
| | 7 | 11.625 5 | 5.725 3 | 38.849 4 | 11.625 4 | 5.725 1 | 38.850 3 |
| | 8 | 11.625 6 | 5.725 1 | 38.850 2 | 11.625 5 | 5.725 0 | 38.850 3 |
| | 9 | 11.628 2 | 5.725 3 | 38.843 1 | 11.625 6 | 5.725 3 | 38.849 5 |
| | 10 | 11.626 3 | 5.725 0 | 38.849 7 | 11.628 2 | 5.725 0 | 38.843 9 |
| | | 平均最优值 | | 38.846 2 | 平均最优值 | | 38.849 5 |
| 式(9) | 1 | 0.992 0 | 0.984 1 | 6.406 5e-005 | 1.000 2 | 1.000 5 | 9.878 6e-008 |
| | 2 | 1.000 0 | 1.000 0 | 1.614 2e-009 | 0.996 0 | 0.992 0 | 1.604 7e-005 |
| | 3 | 1.024 0 | 1.048 6 | 5.765 7e-004 | 0.999 0 | 0.998 0 | 1.056 6e-006 |
| | 4 | 1.000 0 | 1.000 0 | 1.733 3e-009 | 0.996 0 | 0.992 0 | 1.609 4e-005 |
| | 5 | 1.024 0 | 1.048 6 | 5.765 7e-004 | 1.028 0 | 1.056 8 | 7.846 6e-004 |
| | 6 | 1.000 0 | 1.000 0 | 1.614 2e-009 | 1.012 0 | 1.024 2 | 1.442 8e-004 |
| | 7 | 1.004 0 | 1.008 0 | 1.596 6e-005 | 1.004 0 | 1.008 0 | 1.596 6e-005 |
| | 8 | 1.024 0 | 1.048 6 | 5.765 7e-004 | 0.987 9 | 0.976 0 | 1.454 5e-004 |
| | 9 | 1.027 6 | 1.056 0 | 7.613 0e-004 | 1.028 0 | 1.056 8 | 7.846 6e-004 |
| | 10 | 1.004 0 | 1.008 0 | 1.596 6e-005 | 0.999 9 | 0.999 8 | 1.444 1e-008 |
| | | 平均最优值 | | 0.000 26 | 平均最优值 | | 0.000 19 |

(2)有效避免近亲繁殖;

(3)一个交配子过程仅产生一个子代体,且在整个交配过程中产生 $N_c = \sum_{i=1}^k P(b_i)$ 个子个体,并保证所有优良个体被选择;如果新产生的个体适应度低于父代个体,则以父代个体替代;

(4)变异过程是在父代个体中进行,总共产生 $(N-N_c)$ 个子代个体;如果新变异的个体适应度低于父代个体,则以父代个体替代;

(5)变异操作时保证精英个体不发生变异;

(6)自适应交叉概率和变异概率分别按照激素分泌规律进行设计;

(7)使个体保持较好的多样性,有效克服早熟现象和进化缓慢问题。

3 实验仿真

为了检验改进后的遗传算法的寻优效果,选择2个测试函数对该算法进行仿真测试。在测试仿真实验中,标准遗传算法和改进遗传算法的参数设置相同:种群个体数量为40,最大搜索步数为1000, $P_m^0=0.7, P_c^0=0.1$ 。其中, P_m^0, P_c^0 也是标准遗传算法的交叉和变异概率;改进遗传算法中 $\alpha=0.2, \beta=0.1, n_c=n_m=2$ 。在比较结果中,均采用搜索10次的平均值作为最终寻优结果。

测试函数 1^[2]:

$$f(x_1, x_2) = 21.5 + x_1 \sin(4\pi x_1) + x_2 \sin(20\pi x_2) \quad (8)$$

其中, $-3.0 \leq x_1 \leq 12.1, 4.1 \leq x_2 \leq 5.8$ 。该函数只有一个全局最大值点:即 $x_1=11.6255, x_2=5.725$ 时,最大值为:38.8503。

测试函数 2^[3]:

$$f(x_1, x_2) = 100(x_1 - x_2)^2 + (1 - x_1)^2 \quad (9)$$

其中, $-2.048 \leq x_1, x_2 \leq 2.048$ 。该函数是著名的 Banana 测试函数,只存在一个全局最小值:即当输入量为(1,1)时,最小值为0。

具体测试数据如表1所示。对于测试函数1,标准遗传算法搜索结果的平均绝对误差为0.0032,而改进后遗传算法搜索结果的平均绝对误差为0.0008;对于测试函数2,标准遗传算法和改进后遗传算法搜索结果的平均绝对误差分别为0.00026和0.00019。因此,测试结果表明:在相同测试环境下,改进后的遗传算法比标准算法具有较好的寻优搜索精度和较快的收敛速度。

4 结语

标准遗传算法具有多种优点如:普遍适用性好、极强的容错能力、灵活性、较强的鲁棒性等。但也存在着不少缺点如易早熟、易出现进化缓慢等。基于激素调节机理提出了一种改进型遗传算法,该算法与标准遗传算法相比,具有比较快的收敛速度和搜索精度。

参考文献:

- [1] 刘曙光, 费佩燕, 侯志敏. 遗传算法的进展与展望[J]. 现代电子技术, 2000(6): 83-87.
- [2] 陈莉. 混合遗传算法及其应用[J]. 四川师范大学学报, 1998, 21(5): 553-558.
- [3] 辛海涛. 一种混合遗传算法及其应用[J]. 哈尔滨商业大学学报, 2001, 17(1): 91-93.
- [4] 李建华, 王孙安. 最优家族遗传算法[J]. 西安交通大学学报, 2004, 38(1): 77-80.
- [5] Farhy L S. Modeling of oscillations of endocrine networks with feedback[J]. Methods Enzymol, 2004, 384: 54-81.