

文章编号: 1001-0920(2010)05-0725-05

一种改进型克隆选择算法及其几乎处处强收敛性研究

洪 露^{1,2}, 纪志成², 龚成龙¹

(1. 淮海工学院 电子工程学院, 江苏 连云港 222005; 2. 江南大学 通信与控制工程学院, 江苏 无锡 214122)

摘 要: 基于克隆选择原理, 引入混沌机制和小生境技术, 提出一种改进型克隆选择算法 (ICSA). 该算法比传统的克隆选择算法具有更好的种群多样性和全局寻优能力. 以随机过程理论为数学工具, 分析了 ICSA 所形成抗体种群的平均适应度函数的鞅性质, 并由此得出算法几乎处处强收敛性的结论. 进而证明了, 当状态空间有限时, 该算法能在有限步内以概率 1 收敛到全局最优. 仿真实验表明, 该算法能有效地抑制早熟, 具有更好的全局收敛性.

关键词: 克隆选择算法; 混沌; 鞅; 几乎处处强收敛

中图分类号: TP18

文献标识码: A

On an improved clonal selection algorithm and its almost sure strong convergence

HONG Lu^{1,2}, JI Zhi-cheng², GONG Cheng-long¹

(1. School of Electronic Engineering, Huaihai Institute of Technology, Lianyungang 222005, China; 2. School of Communications and Control Engineering, Jiangnan University, Wuxi 214122, China. Correspondent: HONG Lu, E-mail: honglu912@163.com)

Abstract: By integrating chaos mechanism and niche technique, an improved clonal selection algorithm (ICSA) is proposed based on the clonal selection principle. The algorithm not only maintains better population diversity than the classical clonal selection algorithm, but also converges to the global optimal solution rapidly. By using stochastic processes martingale theory, the martingale characteristic of the average fitness of the population is analyzed and the almost sure strong convergence of ICSA is deduced. Furthermore, it is proved that the algorithm is globally convergent with probability 1 in a finite number of steps when the state space is finite. The simulation results show that ICSA can inhibit prematurity and has preferable global convergent performance.

Key words: Clonal selection algorithm; Chaos; Martingale; Almost sure strong convergence

1 引 言

近年来, 受生物免疫系统信息处理 T 机制中固有的多样性、自适应性、记忆和学习等特性启发而发展起来的人工免疫算法, 已经在计算机安全、组合优化、模式识别、故障诊断、异常检测、机器学习等领域取得了许多成果^[1,2]. 克隆选择算法 (CLONALG) 是根据人工免疫系统中的克隆选择机制而提出的一种新型机器学习和优化搜索算法^[3,4]. 该算法在解决复杂机器学习问题, 如模式识别和多模态优化问题上体现出了较好的效果. 但是, 该算法没有体现免疫应答中的独特型免疫网络作用, 导致算法搜索过程中群体多样性的缺乏, 以及抗体的选择不具有随机性, 这隐含着算法可能陷入早熟, 不能收敛到全局最优的问

题. 仿真结果表明, 该算法对于复杂多模态优化问题, 效果不甚理想, 搜索多个最优解的能力较差^[5,6].

一种算法是否成熟取决于其数学描述的完善程度^[7]. 随着免疫算法的广泛应用, 其理论研究越来越深入. 一种新的算法能否有效解决一类问题, 首先必须从收敛性上进行分析, 如果算法不能收敛或不能在可以接受的计算时间或空间使用的条件下收敛, 则该算法没有实用价值. 目前, 关于免疫算法的研究主要集中在工程应用方面, 算法的理论探讨较为少见. 对于利用数学方法探讨基于免疫学原理的免疫算法的理论研究鲜有报道, 其主要原因在于免疫系统的内在机制极为复杂, 同时既要考虑算法的结构不至于复杂, 具有仿生性, 又要顾及算法的理论研究及应用效

收稿日期: 2009-05-19; 修回日期: 2009-06-23.

基金项目: 中国博士后科学基金项目(200904501048); 江苏省博士后基金项目(0901076C).

作者简介: 洪露(1975-), 男, 湖南株洲人, 副教授, 博士, 从事智能计算与智能控制的研究; 纪志成(1959-), 男, 杭州人, 教授, 博士生导师, 从事电力电子与电气传动等研究.

果. 目前, 关于克隆选择算法收敛性问题的研究尚处于初始阶段, 尽管有不少学者研究了有关免疫算法的收敛性, 但大多数研究都是基于进化算法收敛性研究中所采用的有限状态 Markov 链随机过程理论, 仅仅取得了一些定性的研究成果, 难以应用于对实际问题的求解, 而且这些算法的收敛性基本上都属于依概率收敛.

本文从克隆选择机制出发, 结合免疫网络以及免疫记忆等相关机理, 引入混沌机制和小生境思想, 提出一种既利于理论探讨, 又利于工程应用的人工免疫新算法, 即改进型克隆选择算法 (ICSA). 为提高算法搜索的效率, 增加种群的多样性, 算法利用混沌的遍历性和随机性, 结合抗体的先验知识和进化代数设计了自适应混沌变异算子, 算法同时引入了小生境思想、基于抗体浓度和亲和度矢量矩的选择策略以及抗体更新策略. 对于克隆选择算法的收敛性问题, 尚无严格的理论结论, 缺乏有效的分析方法. 本文将取代传统的遍历性分析, 在算法的 Markov 链分析中尝试运用鞅理论对 ICSA 算法进行几乎处处强收敛性分析. 当种群为有限状态时, 证明了该算法能在有限步内以概率 1 确保收敛到全局最优解. 仿真结果表明, 该算法能更好地保持抗体的多样性, 在多模态函数优化问题中具有更好的收敛性能.

2 改进型克隆选择算法设计

克隆选择算法的出现, 标志着从免疫系统自身机理出发, 开发智能优化算法来解决优化问题的开始. 通过对该算法的深入分析可以发现: 算法在克隆过程中, 被选择的抗体受制于亲和力成熟过程, 而且克隆的父代与子代间只有信息的简单复制, 并没有不同信息的交流, 算法中没有体现抗体与抗体之间的促进与抑制动态调节机制, 这将导致算法搜索过程中群体多样性的缺乏^[8]; 在克隆选择过程中, 评价的尺度是个体的亲和力. 但是, 对于多峰值函数, 每个峰的函数值一般不一定都能达到全局最大值, 有的甚至比最大值小很多. 如果仅以亲和力作为评价指标, 很容易使种群中相似适应度的个体迅速增加, 而那些函数值较小峰对应的个体则很难进入下一代. 因此, 那些函数值较小的峰很容易被漏掉, 使算法易出现未成熟收敛. 为提高算法对复杂多模态优化问题的求解能力, 本文从以下几方面对克隆选择算法进行改进.

1) 混沌是非线性系统的本质特征, 具有随机性、遍历性、规律性以及初始值的敏感性等一系列特殊性质. 基于混沌理论的相关优化方法主要是利用混沌序列的特殊性质来搜索、寻找问题的最优解. 其中混沌的遍历性特点可作为优化搜索过程中避免陷入局部极小的一种优化机制. 为此, 本文在文献 [9] 的

基础上, 结合抗体的先验知识和进化代数, 设计一种自适应混沌变异算子. 该算子对抗体进行自适应混沌变异, 使得算法具有良好的搜索导向, 能够充分利用混沌的遍历性特性, 以避免优化搜索过程中出现的早熟现象. 本文所提出的算法中引入的混沌系统是著名的 Logistic 映射, 其定义如下:

$$\begin{aligned} x^{n+1} &= \mu x^n (1 - x^n), \\ x^n &\in [0, 1], \quad n = 0, 1, \dots \end{aligned} \quad (1)$$

其中: x^n 表示变量 x 在第 n 代的值; μ 为混沌控制参量, 当 $\mu = 4$ 时, 产生的序列 $\{x^n; n \geq 0\}$ 为混沌变量.

2) 为避免仅以亲和力作为选择概率所带来的问题, 本文算法中引入了基于抗体浓度和亲和度矢量矩的选择策略. 采用一种基于抗体间欧氏距离及适应度的方法定义抗体相似度和浓度, 记抗体 X_i 和 X_j 的欧氏距离为 $ED(X_i, X_j)$, 适应度分别为 $f(X_i)$ 和 $f(X_j)$, 给定适当常数 $\delta > 0, \varepsilon > 0$, 如满足下列方程:

$$\begin{cases} ED(X_i, X_j) \leq \delta, \\ |f(X_i) - f(X_j)| \leq \varepsilon, \end{cases} \quad (2)$$

则称抗体 X_i 与 X_j 相似. 记与抗体 X_i 相似的抗体的个数为 $\text{Sim}(X_i)$, 则抗体 X_i 的浓度为

$$D(X_i) = \frac{\text{Sim}(X_i)}{N}, \quad i = 1, 2, \dots, N. \quad (3)$$

抗体集中, 定义抗体 X_i 的亲和度矢量矩为

$$\rho(X_i) = \sum_{j=1}^N |f(X_i) - f(X_j)|, \quad (4)$$

则抗体 X_i 基于抗体浓度和亲和度矢量矩的选择概率

$$p(X_i) = \frac{\rho(X_i) \exp\left(-\frac{D(X_i)}{v}\right)}{\sum_{j=1}^N \rho(X_j) \exp\left(-\frac{D(X_j)}{v}\right)}, \quad (5)$$

式中 v 为调节因子. 式 (5) 体现了抗体选择的不确定性特征及独特型免疫网络理论中抗体之间的促进和抑制动态调节机制. 从式 (5) 可以看出, 在抗体浓度一定的条件下, 抗体亲和度矢量矩越大, 选择概率越大; 在抗体亲和度矢量矩一定的条件下, 抗体浓度越大, 选择概率越小. 这样, 在保留高适应度抗体的同时也确保了个体的多样性, 使含有效进化基因的低适应度个体也可获得繁殖机会. 因此, 该选择策略在理论上可以保证抗体的多样性.

3) 算法中设立记忆细胞库, 用来保存优秀抗体, 并对记忆细胞库中的抗体进行相似性克隆抑制, 如有相似的抗体, 则删除亲和力较低的抗体. 该操作减少了冗余计算, 提高了算法的搜索效率.

4) 借鉴进化论中小生境概念, 在随机产生的 N 个抗体组成的初始抗体群中, 对每一个抗体进行克隆扩增和混沌变异, 从而形成 N 个子抗体群. 由于在变异操作中对其搜索范围进行了限制, 每一个子群中的抗

体具有相似的基因特征,即形成了 N 个小生境.然后从每一个子群中选出一个最优抗体组成新一代抗体群,而不是在所有抗体中进行选择.基于小生境技术的克隆选择算法的选择操作,只在具有相似基因特征子抗体群中(而不是在所有抗体中)进行,从而不会像遗传算法那样最终收敛于一个最优解.与基于适应度共享机制的小生境遗传算法相比,该算子不需计算个体之间的共享度,使得算法大为简化.

不失一般性,在本文算法的设计中,设抗体群 $\mathbf{X} = \{X_1, X_2, \dots, X_N\}$, N 为抗体群中抗体的个数, $\mathbf{X}(0)$ 表示初始种群;抗体种群空间为 S ,抗体 $X_i = [x_1, x_2, \dots, x_L]$, $i = 1, 2, \dots, N$, L 为抗体中变量的个数;由于本文算法中混沌变量均在 $[0,1]$ 上取值,为计算方便,将抗体变量统一归一化为 $[0,1]$ 区间,即 $x_k \in [0, 1]$, $k = 1, 2, \dots, L$; $f(X_i)$ 为抗体 X_i 归一化后的亲和度.

下面给出ICSA算法的具体设计步骤:

Step 1: 随机生成 N 个抗体的初始种群 $\mathbf{X}(0)$.

Step 2: 抗体克隆扩增 T_c . 计算所有抗体的亲和度 $f(X_i)$,根据亲和度的大小,对每个抗体进行克隆,每个抗体的克隆规模 C_i 由下式计算:

$$C_i = \text{Int} \left(N^c \frac{f(X_i)}{\sum_{i=1}^N f(X_i)} \right), \quad i = 1, 2, \dots, N. \quad (6)$$

式中: $N^c = \sum_{i=1}^N C_i$ 为抗体群的克隆规模, $\text{Int}(\cdot)$ 为取整函数.克隆后,种群变为 $\mathbf{X}^c(t) = \{X, X_1^c, \dots, X_N^c\}$, X_i^c 为抗体 X_i 的克隆子群.

Step 3: 抗体混沌变异 T_m .为保留父代抗体的原始信息,只对抗体克隆子群 \mathbf{X}_i^c 中抗体变异,实现算法对解的局部搜索.本文利用混沌的遍历性和随机性,结合抗体的先验知识和进化代数设计一种混沌自适应变异算子,对抗体进行自适应混沌变异,即

$$X_i' = X_i + \beta \frac{\exp\left(-\gamma \frac{t}{T}\right)}{1 + f(X_i)} (2L_{X_i}(t) - 1). \quad (7)$$

其中: $X_i' = [x_1', x_2', \dots, x_L']$ 为变异后抗体; X_i 为变异前的抗体; β 和 γ 为变异控制参数; t 为当前进化代数; T 为算法设计的总进化代数; $\exp\left(-\gamma \frac{t}{T}\right)$ 表示在算法进化的初期,以较大的变异尺度进行搜索,随着进化代数的增加,变异尺度逐渐减小,有利于进化后期抗体的精细搜索; $L_{X_i}(t)$ 表示以抗体 X_i 为初始值生成的第 t 个Logistic序列值.为了使 X_i' 仍处于区间 $[0,1]$ 中,对 X_i' 中各变量 x_k' 进行如下限制:

$$x_k' = \begin{cases} 0, & x_k' < 0; \\ x_k', & 0 \leq x_k' \leq 1; \\ 1, & x_k' > 1; \end{cases} \quad k = 1, 2, \dots, L. \quad (8)$$

Step 4: 免疫记忆 T_{im} .应用小生境技术,从 N 个

小生境变异子群中各选出一个最优抗体组成新一代抗体群.为保留本代中优秀的抗体,将具有最大亲和度的 n 个抗体复制到记忆细胞库中,模拟免疫系统的记忆功能.

Step 5: 克隆抑制 T_r .基于抗体间的欧氏距离和抗体亲和度,对记忆库中所有抗体进行相似性抑制操作.如有相似的抗体,则删除亲和度较低的抗体,保留亲和度高的抗体.

Step 6: 免疫选择 T_s .为了保证抗体的多样性,提高算法的全局搜索能力,模拟免疫系统动态平衡维持机制,体现免疫系统的亚动力学特点,让所有抗体参与竞争存活.基于抗体的浓度和亲和度矢量矩计算其存活概率,即按式(5)计算抗体 X_i 被选择进入下一代的概率 $p(X_i)$.根据 $p(X_i)$ 的大小,选择 $N-d$ 个最好的抗体进入下一代,即有 d 个抗体要被更新.

Step 7: 免疫更新 T_g^d .随机产生 d 个亲和度较高的新抗体对抗体群 $\mathbf{X}(t)$ 中等待更新的 d 个抗体进行更新.

重复执行Step 2~Step 7,直到算法满足结束条件,记忆细胞库中的抗体即为所求问题的解,其中包括全局最优解和部分局部最优解.

3 ICSA算法几乎处处强收敛性分析

尽管许多学者研究了有关免疫算法的收敛性,但大多是在一些特殊情况下,应用Markov链的一些性质(如状态转移的遍历性)进行收敛性研究.这些算法的收敛性基本上都属于依概率收敛,属于弱大数律范畴,而几乎处处强收敛性明显强于依概率收敛性.本文将取代传统的遍历性分析,在算法的Markov链分析中尝试运用鞅理论对本文提出的ICSA算法进行几乎处处强收敛性分析,当种群为有限状态时,证明了该算法能够在有限步内收敛到全局最优解.所获得的结果为ICSA算法的实际应用奠定了理论基础,而所使用的鞅理论分析方法,则为免疫算法的理论研究提供了一种全新的分析工具.

首先给出算法几乎处处强收敛和下鞅的定义:

定义1^[7] 设全局最优解集

$$M = \{X; \forall Y \in S, \text{有} f(X) \geq f(Y)\},$$

如果 $P\{\lim_{t \rightarrow \infty} [X(t) \subset M]\} = 1$,则称ICSA算法序列 $\{X(t), t \geq 0\}$ 几乎处处强收敛,记作 $X(t) \rightarrow M(A.S.S)$.

定义2^[10] 设 $\{X(t), t \geq 0\}$ 为定义在概率空间 (Ω, ξ, P) 上的随机序列, $\xi(t)$ 为 ξ 中的递增 σ 域流,若满足下列条件:

- 1) $\{X(t)\}$ 适应于 $\xi(t)$;
- 2) $E[|X(t)|] < +\infty, \forall t$;
- 3) $E[X(t+1)|\xi(t)] \geq X(t), \forall t$,则称序列 $\{X(t)\}$

关于 $\xi(t)$ 为下鞅.

依据上述定义, 几乎处处强收敛性明显强于依概率强收敛性. 本文将证明 ICESA 算法的几乎处处强收敛甚至更强的收敛性. 通过对 ICESA 算法的分析可以看到, 算法针对目标抗原生成的一系列抗体种群 $\{X(t), t \geq 0\}$, 带有概率分布趋向于具有最佳亲和度的抗体, 当种群中每个个体的亲和度达到全局最大值 f^* 时, 该种群的平均亲和度达到全局最大值, 因此可以利用平均亲和度函数的收敛性来研究 ICESA 算法的收敛性. 如果新种群的平均亲和度函数关于当前种群的条件期望不低于当前种群的平均亲和度函数, 则可将平均亲和度函数 $\bar{f}(X(t))$ 转变为一个下鞅来考察 ICESA 算法的收敛性, 因为下鞅 $\{X(t)\}$ 的极限 $\lim_{t \rightarrow \infty} X(t)$ 几乎处处存在且是有界的, 从而为这方面以及与其类似方面的研究开拓了一条新的思路.

因为 ICESA 算法中混沌变异算子 T_m 在进行变异的同时保留了父代抗体的原始信息, 小生境技术是在每一个变异的子群中分别选择一个亲和度最大抗体, 免疫更新算子 T_g^d 确保了用高亲和度的抗体更新低亲和度的抗体, 所以 ICESA 算法保证了下一代种群的平均亲和度不会小于当前代种群平均亲和度, 即有

$$\bar{f}(X(T+1)) \geq \bar{f}(X(t)).$$

定理 1 设 ICESA 算法得到的种群序列 $\{X(t), t \geq 0\}$ 和 $\xi(t) = \xi(X(0), X(1), \dots, X(t))$ 为 $X(0), X(1), \dots, X(t)$ 可测的最小 σ 代数, 则 $\{\bar{f}(X(t))\}$ 关于 $\xi(t)$ 为下鞅, 即有

$$E[\bar{f}(X(t+1)) | \xi(t)] \geq \bar{f}(X(t)), t \geq 0.$$

证明 因为 ICESA 算法得到的种群序列 $\{X(t), t \geq 0\}$ 是一个 Markov 过程, 故由上述分析有

$$\begin{aligned} E[\bar{f}(X(t+1)) | \xi(t)] &= \\ E[\bar{f}(X(t+1)) | X(0), X(1), \dots, X(t)] &= \\ E[\bar{f}(X(t+1)) | X(t)] &= \\ \sum_Y \bar{f}(Y) P\{X(t+1) = Y | X(t) = X\} &\geq \bar{f}(X). \end{aligned}$$

即 $\{\bar{f}(X(t))\}$ 关于 $\xi(t)$ 为下鞅. \square

定理 2 在定理 1 条件下, 记

$$r_t^* = \min_{X,Y} P_{T_m}^t\{X, Y\}, t \geq 0,$$

当 $\sum_{t=1}^{\infty} r_t^* = \infty$ 时, 有:

- 1) $P\{\lim_{t \rightarrow \infty} [X(t) \subset M]\} = 1$;
- 2) $P\left\{\bigcup_{k=1}^{\infty} \bigcap_{t=k}^{\infty} [X(t) \subset M]\right\} = 1$.

证明 1) 令

$$F_t = \{X(t) \cap M^c \neq \emptyset\} = \{\bar{f}(X(t)) \neq f^*\}.$$

对于下鞅 $\{\bar{f}(X(t))\}$, 利用条件期望性质, 有

$$\begin{aligned} f^* P\{F_t^c\} &\geq \int_{F_t^c} \bar{f}(X(t+1)) dP \geq \\ \int_{F_t^c} \bar{f}(X(t+1)) dP &= f^* P\{F_t^c\}, \end{aligned}$$

于是 $\int_{F_t^c} \bar{f}(X(t+1)) dP = f^* P\{F_t^c\}$.

由于 $0 \leq \bar{f}(X) \leq f^*$, 在 F_t^c 上有 $\bar{f}(X(t+1)) = f^*$. 即 $F_t^c \subset F_{t+1}^c$, 也即 $F_{t+1} \subset F_t$. 另外, 当 $X \cap M^c \neq \emptyset$ 时, 存在 X_k 使 $f(X_k) < f^*$. 令 Y_x 使 $\langle X \oplus Y_x \rangle \cap M^c = \emptyset$. 记 $\vartheta = \min\{|f(X) - f(Y)|, f(X) \neq f(Y)\}$, 则有 $\bar{f}(\langle X \oplus Y_x \rangle) - \bar{f}(X) \geq \vartheta/N$. 于是, 由条件期望性质可得

$$\begin{aligned} E(\bar{f}(X(t+1))) - E(\bar{f}(X(t))) &= \\ E(E(\bar{f}(X(t+1)) | X(t))) - E(\bar{f}(X(t))) &= \\ \sum_X P\{X(t) = X\} (E(\bar{f}(X(t+1)) | X(t) = X) - \bar{f}(X(t))) &= \\ \sum_X P\{X(t) = X\} \sum_Y P_{T_m}^t\{X, Y\} (\bar{f}(\langle X \oplus Y \rangle) - \bar{f}(X)) &\geq \\ \sum_{X \cap M^c \neq \emptyset} P\{X(t) = X\} P_{T_m}^t\{X, Y\} (\bar{f}(\langle X \oplus Y_x \rangle) - \bar{f}(X)) &\geq \frac{\vartheta}{N} P(F_t) r_t^*. \end{aligned}$$

对上面不等式求和, 有

$$\begin{aligned} f^* &\geq E(\bar{f}(X(t+1))) - E(\bar{f}(X(1))) \geq \\ \frac{\vartheta}{N} \sum_{k=1}^t P(F_k) r_k^* &. \end{aligned}$$

令 $t \rightarrow \infty$, 有 $\sum_{t=1}^{\infty} P(F_t) r_t^* < \infty$. 由于 $\sum_{t=1}^{\infty} r_t^* = \infty$, 必有当 $t \rightarrow \infty$ 时, $P(F_t) \rightarrow 0$, 即

$$\lim_{t \rightarrow \infty} \bar{f}(X(t)) = f^*(A, S, S),$$

即有 $P\{\lim_{t \rightarrow \infty} [X(t) \subset M]\} = 1$.

2) 由于 $\lim_{t \rightarrow \infty} \bar{f}(X(t)) = f^*$, 当种群状态有限时, 收敛数列 $\{X(t), t \geq 0\}$ 中仅包含有限个不同的值, 故对于所有种群的 \bar{X} , 存在 $N(X)$, 使得当 $t \geq N(X)$ 时, 有 $\bar{f}(X(t)) = f^*$. 从而, $X(t) \subset M$, 即

$$P\left\{\bigcup_{k=1}^{\infty} \bigcap_{t=k}^{\infty} [X(t) \subset M]\right\} = 1. \quad \square$$

定理 2 的结论 1) 说明, 在满足条件时, ICESA 算法所生成的种群的亲和度必趋于最优值, 即算法几乎处处强收敛; 而结论 2) 则说明, 当种群状态有限时, 算法将以概率 1 确保在有限步内达到问题的最优解. 这里所刻画的收敛性显然具有“有限终止”的特征, 因而也强于几乎处处强收敛性.

4 仿真实验

为了验证 ICESA 算法的收敛性能, 本文选用如下典型多模态测试函数进行仿真实验:

$$f(x) = \sum_{i=1}^{10} (x_i - 10\cos(2\pi x_i) + 10^2), \quad -128 \leq x_i \leq 128.$$

随机选取10组初值,独立运行本文算法。ICSA算法中,初始群体规模 $N = 100$,克隆的总规模数 $N^c = 400$,相似抑制参数 $\delta = \varepsilon = 0.01$,混沌控制参数 $\mu = 4$,混沌变异参数 $\beta = 0.01, \gamma = 10$,变异率 $\vartheta = 0.01$,式(5)中调节因子 $\nu = 3$,每代随机抗体更新数 $d = 20$ 。每次运行算法均能收敛到上述问题的最优解 $(0, \dots, 0)$ 。图1为10次运行中函数平均目标函数值的进化结果。

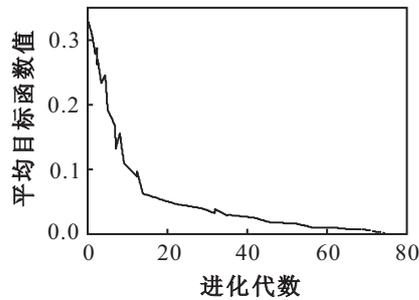


图1 平均目标函数值进化图

由图1可以看出,本文算法确实几乎处处强收敛到所给问题的全局最优解。以上数值实验同时也验证了本文理论分析的正确性。

5 结论

本文在克隆选择机制和独特型免疫网络理论的基础上,模拟了生物免疫系统的非线性混沌性,提出了一种改进型克隆选择算法(ICSA)。该算法能避免盲目搜索,提高算法的全局收敛性。本文尝试运用随机过程鞅理论对算法进行收敛性分析,证明了算法的几乎处处强收敛性,并且当种群为有限状态时,证明了该算法能在有限步内以概率1确保收敛到全局最优解。仿真结果也表明,该算法能有效地避免早熟现象,具有更好的全局收敛性和收敛速度,在多模态函数优化等复杂问题中更加有效可行。

参考文献(References)

- [1] Dasgupta D, González F. Artificial immune systems (AIS) research in the last five years[C]. Proc Conf Evolutionary Computation. Canberra, 2003: 123-130.
- [2] Hart E, Timmis J. Application areas of AIS: The past, the present and the future[J]. Applied Soft Computing, 2008, 8(1): 191-201.
- [3] Dasguta D. Artificial immune systems and their applications[M]. Berlin: Springer-Verlag, 1999.
- [4] De Castro L N, Von Zuben F J. Learning and optimization using the clonal selection principle[J]. IEEE Trans on Evolutionary Computation, 2001, 6(3): 239-251.
- [5] 丁永生,任立红.人工免疫系统:理论与应用[J].模式识别与人工智能,2000,13(1):52-59.
(Ding Y S, Ren L H. Artificial immune system: Theory and applications[J]. Pattern Recognition and Artificial Intelligence, 2000, 13(1): 52-59.)
- [6] De Castro L N, Timmis J. An artificial immune network for multimodal function optimization[C]. Proc of IEEE Congress on Evolutionary Computation. Honolulu, 2002: 699-704.
- [7] 张文修,梁怡.遗传算法的数学基础[M].西安:西安交通大学出版社,2001.
(Zhang W X, Lian Y. Mathematical foundation of genetic algorithms[M]. Xi'an: Xi'an Jiaotong University Press, 2001.)
- [8] 黄席樾,张著洪,胡小兵,等.现代智能算法理论及应用[M].北京:科学出版社,2005.
(Huang X Y, Zhang Z H, Hu X B, et al. Theory and application of modern intelligent algorithm[M]. Beijing: Science Press, 2005.)
- [9] 李兵,蒋慰孙.混沌优化方法及其应用[J].控制理论与应用,1997,14(4):613-615.
(Li B, Jiang W S. Chaos optimization algorithm and its application[J]. Control Theory & Application, 1997, 14(4): 613-615.)
- [10] 叶尔骅,张德平.概率论与随机过程[M].北京:科学出版社,2005.
(Ye E H, Zhang D P. Probability theory and stochastic processes[M]. BeiJing: Science Press, 2005.)
- [10] Kaminski P, Bryson A, Schmidt S. Discrete square root filtering: A survey of current techniques[J]. IEEE Trans on Automatic Control, 1971, 16(6): 727-736.
- [11] Van der Merwe R, Wan E A. The square-root unscented Kalman filter for state and parameter estimation[C]. Proc of the Int Conf on Acoustics, Speech, and Signal Processing. Salt Lake City, 2001, 6: 3461-3464.
- [12] Golub G H, Welsch J H. Calculation of Gauss quadrature rules[J]. Mathematics of Computation, 1969, 23(106): 221-230.

(上接第724页)