

实数编码人工免疫算法概率 强收敛速度估计研究

洪 露¹, 王经卓¹, 掌 明¹, 纪志成²

(1. 淮海工学院电子工程学院, 江苏连云港 222005; 2. 江南大学物联网工程学院, 江苏无锡 214122)

摘 要: 取代传统的状态转移矩阵特征值估计方法, 运用随机过程相关理论, 对实数编码人工免疫算法的收敛速度估计进行了研究, 该方法从满足人工免疫算法概率强收敛的必要条件出发, 将其作为一般人工免疫算法符合的充分条件, 提出了一种实数编码人工免疫算法指数速度概率强收敛的估计新方法. 该方法以种群中最佳抗体的最终收敛为判断依据, 避免了传统估计方法过于保守的不足, 可用于一类人工免疫算法的收敛性和收敛速度的判断, 在人工免疫算法实际应用中如何优化其收敛速度具有一定理论参考意义.

关键词: 人工免疫算法; 收敛速度估计; 概率收敛; Markov 链

中图分类号: TP18 **文献标识码:** A **文章编号:** 0372-2112 (2015)12-2388-06

电子学报 URL: <http://www.ejournal.org.cn> **DOI:** 10.3969/j.issn.0372-2112.2015.12.007

Probability-based Strong Convergence Rate Estimation of Real Coded Artificial Immune Algorithm

HONG Lu¹, WANG Jing-zhuo¹, ZHANG Ming¹, JI Zhi-cheng²

(1. Department of Electronic Engineering, Huaihai Institute of Technology, Lianyungang, Jiangsu 222005, China;

2. Department of Internet of Things Engineering, Jiangnan University, Wuxi, Jiangsu 214122, China)

Abstract: Instead of the traditional state transition matrix eigenvalue estimation methods, the convergence rate estimation of real coded artificial immune algorithm(RCAIA) is studied based on the stochastic processes theory. The method begins with analyzing the necessary condition for probability-based strong convergence of artificial immune algorithm and takes it as the sufficient condition of a class of RCAIA, and the probability-based strong convergence exponential rate estimation method of RCAIA is proposed. The final convergence of the best antibody is taken as convergence judgment, which can overcome the conservative defect of traditional estimation methods. The method can be used to analyze the convergence and convergence rate of a class of artificial immune algorithms. The research can be used to optimize the convergence rate in the practical application of artificial immune algorithms.

Key words: artificial immune algorithm; convergence rate estimation; probability convergent; Markov chain

1 引言

生物智能算法一直被研究者所关注. 人工免疫算法 (Artificial Immune Algorithm, AIA), 是受生物免疫应答系统的启发而建立的一种新型的智能计算方法, 因其具有学习、记忆、自适应及多样性等特点, 一经出现, AIA 就已在信息安全、机器学习、模式识别、数据挖掘等诸多领域显示出其强大的信息处理和求解能力^[1]. 目前人工免疫算法的研究重点在于充分挖掘生物免疫系统的内在机理, 寻求与工程或相关学科的结合点, 开发更多、更有效的智能算法, 以及拓宽已有方法的应用领域方

面^[2]. 而对探讨基于免疫机制的智能算法的收敛性基础理论研究还较为少见, 已有理论研究主要集中在算法的全局收敛性方面^[3]. 收敛速度分析作为人工免疫算法理论研究中的另一个重要问题, 不仅可以表明算法的收敛快慢, 而且对建立合适的停机准则及全面、客观地评价算法各种执行策略具有重要意义.

目前, 关于人工免疫算法收敛速度的研究都是基于有限状态 Markov 链理论, 即对二进制或特定编码的人工免疫算法状态转移矩阵的特征值来进行算法收敛速度的估计^[4,5]. 首先, 该方法的收敛速度估计过于保守. 因为得到的算法最终稳态分布中, 抗体种群中完全由

满意解组成,但在算法实际应用中,并不需要最终的稳态分布中所有抗体都收敛到最优解.其次,该方法得到的算法收敛速度估计结果只适用于一般可测函数的估计,对于不可测函数来说没有实用意义.最主要的是,由于有限状态 Markov 链理论本身的限制,该理论只能用于二进制或特定编码的有限状态人工免疫算法,对于更常用的实数编码的人工免疫算法而言,由于算法相应 Markov 链的状态空间(转移矩阵的规模)为无限大,这使得具体确定、分析转移矩阵的性能十分困难,因而对于较大规模的人工免疫算法,有限状态 Markov 链分析只能基于遍历性考察而得出相应算法收敛速度较为“粗糙”的结论^[6].

针对目前人工免疫算法缺乏统一的范式,应用形式比较肤浅、零乱,本文从可借鉴的克隆选择机制和独特型免疫网络理论生物免疫学机制出发,构建一种更具通用性、实数编码的一般人工免疫算法(Real Coded Artificial Immune Algorithm, RCAIA).取代传统的状态转移矩阵特征值估计方法,运用随机过程相关理论,提出了一种新的概率强收敛速度估计方法,该方法以种群中最佳抗体的最终收敛为判断依据,避免了传统估计方法过于保守的不足.该方法可用于一类实数编码人工免疫算法的收敛性及收敛速度形式上的判断,同时在算法的实际应用中如何选择算法参数进而优化其收敛速度具有一定理论参考意义.

2 RCAIA 算法的设计

目前大多数所谓的人工免疫算法并没有真正利用到免疫系统机理的本质特点和优势,不是实质意义上的一般人工免疫算法^[7].

生物免疫系统具有强大的信息处理能力,其中克隆选择学说和独特型免疫网络理论是免疫学中两个最重要的基本原理.在抗体克隆选择过程中,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,而没有不同信息的交流,这导致算法搜索过程中种群多样性的缺乏及抗体的选择不具有随机性.现有研究表明,利用独特型免疫网络理论可以进一步完善免疫应答的内在机制,抗体克隆细胞的数量不仅由抗体对抗原的亲合力决定,而且取决于由抗体与抗体之间的相互刺激和抑制关系形成的网络动态平衡维持机制^[8].

因此从免疫学角度看,具有代表性的克隆选择学说及独特型免疫网络理论的结合能较好地解释免疫系统的应答过程.基于此,RCAIA 算法的基本步骤如下.

Step 1 抗体初始化.设 $t = 0$,采用实数编码,随机生成一个初始抗体集合 $X(0) = \{X_1(0), X_2(0), \dots, X_N(0)\}$,抗体个数为 N .

Step 2 亲和力计算.计算抗体集 $X(t)$ 中所有抗体的亲和力 $f(X_i)$,并将 $X(t)$ 中亲和力最高的个体 X^* ,直接送入下一代.

Step 3 抗体克隆操作.对每一个抗体 X_i 按其亲和力和 $f(X_i)$ 大小进行克隆,克隆总规模为 N_c .

Step 4 抗体变异操作.采用某种变异机制对除父本抗体外所有克隆抗体进行变异操作.

Step 5 抗体选择操作.根据独特型免疫网络理论中动态平衡机制选择 $N - 1$ 个亲和力高且浓度低的抗体,产生新的抗体集 $X(t + 1)$,并复制 n 个最好的抗体,放入记忆集中.

Step 6 抗体抑制操作.依据某种原则对记忆集中抗体进行相似性抑制.

Step 7 抗体更新操作.随即产生 d 个新抗体,替代 $X(t + 1)$ 中 d 个亲和力最低的个体;

Step 8 $t = t + 1$,重复执行 Step 2 ~ Step 8,直到满足结束条件为止.

RCAIA 算法的基本流程框图如图 1 所示.

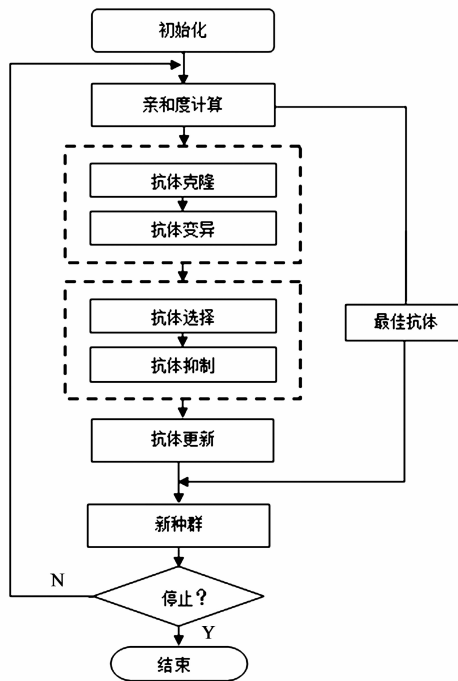


图1 RCAIA算法的流程框图

3 RCAIA 算法的收敛速度估计

本节中,我们利用随机过程相关理论,取代传统的状态转移矩阵特征值估计方法,通过对算法 Markov 链种群概率强收敛的定义,对 RCAIA 算法的收敛速度进行分析,进而提出一种简单通用的实数编码的 RCAIA 算法概率强收敛速度估计方法.为方便起见,首先给出 RCAIA 算法主要参数及算法概率强收敛速度的定义.

设 Ω 为抗体个体空间, $S = \Omega^N$ 为抗体种群空间, $\{X(t), t \geq 0\}$ 为算法 RCAIA 生成的抗体种群 Markov 链序列, $X(t)^*$ 为种群 $X(t)$ 中最佳抗体集, 全局最优解集定义为 $M = \{X; \forall Y \in S, f(X) \geq f(Y)\}$, 概率分布函数为 $P(\cdot)$.

定义 1 Markov 链 $\{X(t), t \geq 0\}$ 若满足:

$$\lim_{t \rightarrow \infty} P\{X(t)^* \in M\} = 1.$$

则称 Markov 链 $\{X(t), t \geq 0\}$ 为概率强收敛, 即随机事件 $\{X(t)^* \in M\}$ 的概率将渐近于 1.

根据定义 1, 我们给出定义 2.

定义 2 将 $\{1 - P(X(t)^* \in M)\}$ 随 $t \rightarrow \infty$ 时趋于 0 时的快慢定义为 Markov 链 $\{X(t), t \geq 0\}$ 的概率强收敛速度.

下面我们对 RCAIA 算法的收敛速度进行分析, 首先给出如下定理:

定理 1 若算法种群 Markov 链 $\{X(t), t \geq 0\}$ 满足如下条件:

条件 1: $P(X(t+1)^* \notin M, X(t)^* \in M) \leq \alpha_t P(X(t+1)^* \notin M), 0 \leq \alpha_t < 1$.

条件 2: $P(X(t+1)^* \in M, X(t)^* \notin M) \geq \beta_t P(X(t)^* \notin M), 0 < \beta_t \leq 1$.

则有: $1 - P(X(t)^* \in M) \leq \prod_{i=0}^{t-1} \frac{1 - \beta_i}{1 - \alpha_i}$.

证明 由全概率公式, 有

$$\begin{aligned} 1 - P(X(t+1)^* \in M) &= 1 - (P(X(t+1)^* \in M, X(t)^* \in M) \\ &\quad + P(X(t+1)^* \in M, X(t)^* \notin M)) \\ &= (1 - P(X(t+1)^* \in M, X(t)^* \in M)) \\ &\quad - P(X(t+1)^* \in M, X(t)^* \notin M) \\ &= (1 - (P(X(t)^* \in M) \\ &\quad - P(X(t+1)^* \notin M, X(t)^* \in M)) \\ &\quad - P(X(t+1)^* \in M, X(t)^* \notin M)) \end{aligned} \quad (1)$$

由条件 1 和 2, 我们有

$$\begin{aligned} 1 - P(X(t+1)^* \in M) &\leq 1 - P(X(t)^* \in M) \\ &\quad - \beta_t P(X(t)^* \notin M) \\ &\quad + \alpha_t P(X(t+1)^* \notin M) \end{aligned} \quad (2)$$

通过公式变换, 有

$$\begin{aligned} (1 - \alpha_t)(1 - P(X(t+1)^* \in M)) &\leq (1 - \beta_t)(1 - P(X(t)^* \in M)) \end{aligned} \quad (3)$$

由递推关系, 有 $1 - P(X(t)^* \in M) \leq \prod_{i=0}^{t-1} \frac{1 - \beta_i}{1 - \alpha_i}$.

证毕.

由定理 1 我们知道, 如果有 $\lim_{t \rightarrow \infty} \prod_{i=0}^{t-1} \frac{1 - \beta_i}{1 - \alpha_i} = 0$, 有

$\lim_{t \rightarrow \infty} P(X(t)^* \in M) = 1$, 则算法概率强收敛, 且其概率强收敛速度的上限为 $1 - P(X(t)^* \in M) \leq \prod_{i=0}^{t-1} \frac{1 - \beta_i}{1 - \alpha_i}$. 特别地, 若存在常数 $\mu, \nu \in (0, 1)$, 使得 $\alpha_i = \mu, \beta_i = \nu$, 则算法以指数速度概率强收敛.

根据 RCAIA 算法的定义, 我们可以将 RCAIA 算法简单表示为如下形式:

$X(t+1) = \Gamma_t(X(t)) = T_s(T_m(X(t)) \oplus X(t)) \circ T_g^d(\Omega)$ 其中, $\Gamma_t(\cdot): \Omega^N \rightarrow \Omega^N$ 为算法 RCAIA 的操作算子, T_s 抗体选择算子, T_m 为抗体变异算子, T_g^d 为抗体更新算子. 我们有给出定理 2.

定理 2 RCAIA 算法将以指数速度概率强收敛.

证明 设抗体进化为最优抗体的最小变异概率为 σ_{\min} , ($0 < \sigma_{\min} \leq 1$); 抗体克隆规模为 N_c , 则每个抗体的选择概率大于或等于 $\frac{1}{N_c}$. $|M|$ 为问题全局最优解的个数, $|\Omega|$ 为所有抗体空间的个数. 由于算法采取了精英保持策略, 有 $P(X(t+1)^* \notin M, X(t)^* \in M) = 0$, 则 $\alpha_t = 0$, 满足定理 1 中的条件 1.

当最终抗体种群中至少包含一个最优解时, 我们就可认为算法收敛. 对任意 t , 有

$$\begin{aligned} P(X(t+1)^* \in M, X(t)^* \notin M) &= P(X(t+1)^* \in M | X(t)^* \notin M) P(X(t)^* \notin M) \\ &= \sum_{x \notin M} P(X(t+1)^* \in M | X(t)^* = x) P(X(t)^* = x) \\ &= \sum_{x \notin M} \sum_{y \in M} P(X(t+1)^* = y | X(t)^* = x) P(X(t)^* = x) \\ &\geq \frac{N}{|\Omega|} \cdot \sigma_{\min} \cdot \left(\frac{1}{N_c}\right) \cdot \left(\frac{C_{|M|}^1 \cdot C_{|\Omega|-|M|}^{d-1}}{C_{|\Omega|}^d}\right) \cdot P(X(t)^* \notin M) \end{aligned} \quad (4)$$

因此定理 1 中的条件(2)也满足, 令 $\beta_t = \frac{N}{|\Omega|} \cdot \sigma_{\min}$.

$\left(\frac{1}{N_c}\right) \cdot \left(\frac{C_{|M|}^1 \cdot C_{|\Omega|-|M|}^{d-1}}{C_{|\Omega|}^d}\right)$, 且有

$$\begin{aligned} \lim_{t \rightarrow \infty} \prod_{i=0}^{t-1} \frac{1 - \beta_i}{1 - \alpha_i} &= \\ \lim_{t \rightarrow \infty} \left(1 - \frac{N}{|\Omega|} \cdot \sigma_{\min} \cdot \left(\frac{1}{N_c}\right) \cdot \left(\frac{C_{|M|}^1 \cdot C_{|\Omega|-|M|}^{d-1}}{C_{|\Omega|}^d}\right)\right)^t &= 0 \end{aligned} \quad (5)$$

所以, $\lim_{t \rightarrow \infty} P(X(t)^* \in M) = 1$, 即 RCAIA 算法为概率强收敛, 并且收敛速度估计上限为

$$1 - P(X(t)^* \in M) \leq \prod_{i=0}^{t-1} \frac{1 - \beta_i}{1 - \alpha_i} = \left(1 - \frac{N}{|\Omega|} \cdot \sigma_{\min} \cdot \left(\frac{1}{N_c}\right) \cdot \left(\frac{C_{|M|}^1 \cdot C_{|\Omega|-|M|}^{d-1}}{C_{|\Omega|}^d}\right)\right)^t \quad (6)$$

即该算法以指数速度概率强收敛, 证毕.

以上分析我们得知,该方法以最优抗体的最终收敛为判断,得到的最终稳态分布中,抗体种群中只有一个最优抗体.若按传统方法中算法最终稳态分布中完全由 N 个最优抗体组成,则式(6)变为

$$1 - P(\mathbf{X}(t)^* \in M) \leq \prod_{i=0}^{t-1} \frac{1 - \beta_i}{1 - \alpha_i} = \left(1 - \frac{N}{|\Omega|} \cdot (\sigma_{\min})^N \cdot \left(\frac{1}{N_c}\right)^{N-d} \cdot \left(\frac{|M|}{|\Omega|}\right)^d\right)^t \quad (7)$$

很明显,本文方法克服了传统状态转移矩阵特征值估计方法过于保守的不足,大大降低了算法收敛速度估计的上限,在算法实际应用中更具操作性.

4 实验验证

为了验证本文所提方法的正确性及分析人工免疫算法操作算子及参数对算法收敛速度的影响,本文利用文献[9~11]中提出的三种基于 RCAIA 框架的人工免疫算法 CNMOIA、CF-aiNET 和 ICSA 算法,对下面两个复杂多模态函数测试函数进行收敛速度估计实验仿真.

Levy No.8 函数:

$$f_1(x) = \sin^2(\pi y_1) + \sum_{i=1}^{n-1} (y_i - 1)^2 [1 + 10 \sin^2(\pi y_{i+1})] + (y_n - 1)^2$$

其中, $y_i = 1 + \frac{x_i - 1}{4}$, $-10 \leq x_i \leq 10, i = 1, 2, \dots, n$. 当 $n = 3$ 时,函数在 $\mathbf{x}^* = (1, 1, 1)^T$ 处得到极小值 $f^* = 0$,同时约有 125 个局部极小值.

Rosenbrock 函数:

$$f_2(x) = \sum_{i=1}^n [(1 - x_i)^2 + 100(x_{i+1} - x_i^2)^2]$$

其中, $n = 30, -2.4 \leq x_i \leq 2.4$,函数在 $\mathbf{x}^* = (1, 1, \dots, 1)^T$ 处得到极小值 $f^* = 0$. 该函数是一个用来测试优化算法性能的非凸函数.

实验主要验证算法变异算子、初始种群规模 N 、抗体克隆规模 N_c 和抗体更新数 d 对算法收敛速度的影响.其中,CNMOIA 算法采用的变异方式是对所有克隆抗体以相同概率进行高频变异,CF-aiNET 算法的变异方式是以抗体亲和度大小成反比的概率进行变异,ICSA 算法采取的是混沌自适应变异方式.设三种算法的抗体初始种群规模 N 分别为(30, 60, 90, 120),抗体更新数百分比 $d\%$ 分别为(5%, 10%, 15%),抗体克隆倍数 c 分别为(1, 2, 3, 4, 5).算法仿真其它参数具体设置见文献[9~11].每个实验进行 30 次,收敛精度设定为 $10E-6$,以算法的迭代次数记为收敛速度,平均收敛速度统计结果如表 1 所示,三种算法的平均收敛速度如图

2 和图 3 所示.

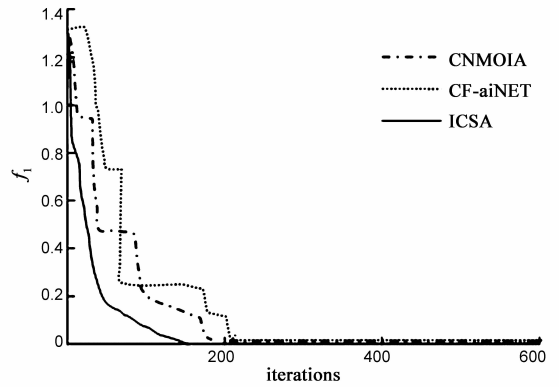


图2 f_1 的平均收敛速度曲线图

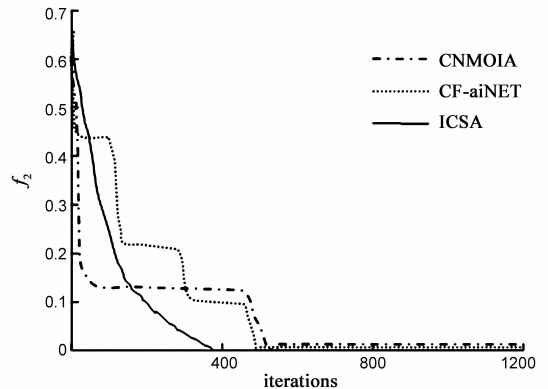


图3 f_2 的平均收敛速度曲线图

通过对表 1 的分析,我们可知:

(1)三种人工免疫算法都能全局收敛,在影响算法收敛速度的因数中,变异操作算子的影响最大,如能提高抗体变异为最优抗体的概率,可较大程度地提高算法的收敛速度.由收敛速度的最优值可知,ICSA 算法混沌自适应变异的策略要优于 CNMOIA 和 CF-aiNET 算法的变异策略.

(2)抗体初始种群规模 N 越大,可增加抗体多样性,理论上可提高算法的收敛速度,但同时也使得抗体克隆规模 N_c 增大,使得算法的计算量也随即增大,从而影响到算法的收敛速度,因此抗体种群规模 N 算法实际应用中不应过大,并要取决于具体的优化问题,该实验中, $N = 60$ 时比较合适.

(3)抗体克隆规模 N_c 越大,算法的收敛速度越慢,一般取 $N_c = (2 \sim 3) \cdot N$.绝大多数算法采用的是基于亲和度的选择策略,对于高亲和度,即优秀抗体的选择概率而言,抗体克隆规模 N_c 对选择算子的影响有限.

(4)抗体更新数 d 理论上越大,能增加算法的收敛速度,但由于其是随机产生,而且每次更新都要求比当前抗体种群中 d 个抗体的亲和度要高,一般较难实现,因此实际应用中 d 的取值较小,对算法的收敛速度影响较小.

表 1 三种算法的平均收敛速度

算法	C	函数	N/d%			N/d%			N/d%			N/d%		
			30			60			90			120		
			5	10	15	5	10	15	5	10	15	5	10	15
CNMOIA	1	f_1	376.4	348.5	328.6	318.7	290.2	266.3	361.7	334.1	320.2	380.6	368.8	351.3
		f_2	834.9	814.3	793.4	821.4	802.5	780.2	873.8	852.3	827.2	925.6	902.3	877.9
	2	f_1	312.6	289.2	275.7	291.5	277.6	258.5	350.5	340.7	324.4	439.3	420.3	379.8
		f_2	755.2	698.5	676.8	730.6	704.3	687.5	773.5	756.3	737.7	815.3	790.3	760.2
	3	f_1	290.3	280.8	248.2	259.3	229.6	209.7	358.9	345.6	334.2	450.9	437.5	428.7
		f_2	689.3	670.3	637.2	653.9	602.3	567.2	702.4	688.5	654.7	832.3	814.3	787.7
	4	f_1	327.9	310.3	290.8	340.5	320.7	289.5	408.1	375.3	364.8	491.3	481.8	461.1
		f_2	764.5	755.3	737.2	696.9	672.4	657.2	754.9	732.3	707.2	861.9	842.5	807.2
	5	f_1	369.2	347.5	327.5	390.8	381.1	366.3	479.4	456.2	438.7	605.8	582.4	542.4
		f_2	853.2	832.3	817.2	943.9	920.8	906.2	975.5	942.1	924.2	1127.9	1002.3	967.2
CF-aiNET	1	f_1	349.4	329.2	309.3	311.2	289.7	279.9	332.7	305.6	290.4	379.1	357.3	341.8
		f_2	733.9	702.3	697.6	644.9	602.3	557.2	723.9	702.4	687.2	823.8	801.5	769.3
	2	f_1	307.5	280.8	268.8	279.6	260.3	241.4	321.3	295.3	284.2	411.6	389.8	379.5
		f_2	663.5	648.3	627.6	603.7	582.5	573.2	667.3	642.3	607.2	763.7	732.3	707.5
	3	f_1	265.8	247.5	236.1	238.5	218.7	190.7	362.7	335.2	314.6	442.5	428.5	418.3
		f_2	644.6	622.5	607.2	578.8	534.2	512.6	694.8	672.3	647.2	808.9	772.5	757.2
	4	f_1	302.4	288.8	279.9	312.3	288.1	269.3	378.2	365.4	354.9	461.6	450.4	443.1
		f_2	687.7	662.3	627.6	650.6	632.3	595.2	730.5	719.3	693.4	833.9	812.7	797.2
	5	f_1	340.1	329.2	318.2	316.6	312.2	307.6	429.5	398.3	384.7	578.4	560.8	549.8
		f_2	766.9	742.6	727.2	743.7	702.5	687.2	797.4	782.3	767.2	853.9	822.7	788.2
ICSA	1	f_1	308.4	296.5	288.6	286.9	279.8	269.3	312.8	295.2	283.3	358.9	355.2	341.3
		f_2	603.9	583.2	567.9	583.4	566.3	546.3	643.6	622.5	597.8	693.4	675.7	657.4
	2	f_1	289.3	278.1	270.1	266.2	251.3	229.8	292.7	275.9	263.2	386.5	230.9	211.6
		f_2	573.6	552.3	527.7	554.9	532.7	507.2	588.4	562.3	540.5	643.5	622.7	597.6
	3	f_1	230.1	214.7	209.4	195.1	180.6	171.2	342.1	325.6	308.8	415.8	389.3	372.8
		f_2	543.5	522.6	509.2	457.2	423.8	396.5	513.4	502.3	467.2	634.9	622.6	587.2
	4	f_1	259.3	249.3	240.7	286.5	279.2	261.7	360.6	225.6	204.2	442.3	430.8	420.3
		f_2	598.4	572.3	557.6	643.4	622.7	582.4	656.1	632.6	609.2	710.9	678.2	657.2
	5	f_1	320.7	302.9	289.2	306.3	299.4	280.4	388.3	376.4	355.8	538.5	528.6	517.6
		f_2	656.3	602.3	552.2	643.5	612.7	587.6	753.4	732.8	717.2	854.7	832.3	807.2

5 结论

人工免疫算法的收敛速度问题是人工免疫系统理论研究中急需解决的问题. 本文首先针对传统状态转移矩阵特征值的收敛速度估计方法的不足, 对一般二进制编码人工免疫算法进行了收敛性分析, 通过对算法概率强收敛的定义, 利用马尔可夫链的性质, 给出了一种实数编码人工免疫算法以指数速度概率强收敛的估计

方法. 该结论可推广到任意进制编码、变异算子和选择算子的一类人工免疫算法收敛性和收敛速度的判断. 从收敛结果的形式上可以知道, 在算法的实际应用中, 可以根据问题的需要, 采取不同的算子策略, 使 α_i 越小, β_i 越大, 可以优化算法的收敛速度. 但我们也看到, 有关人工免疫算法收敛速度的研究仅有少量特殊的结果, 到目前为止还没有一个精确的论证方法估计人工免疫算法在不同实现下的收敛速度, 本文今后工作需

要进一步完善人工免疫算法收敛性基础理论,提出一种更为精确和实用的人工免疫算法收敛速度估计方法和理论.

参考文献

- [1] Aickelin U, Dipankar D, Feng G. Search Methodologies: Introductory Tutorials in Optimization and Decision Support Techniques[M]. Berlin: Springer, 2014. 187 – 211.
- [2] Luo Y M, Liao M H, Yan J. Development and demonstration of an artificial immune algorithm for mangrove mapping using landsat TM[J]. IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing Letters, 2013, 10(4): 751 – 755.
- [3] 罗小平, 韦巍. 生物免疫遗传算法的几乎处处强收敛性分析及收敛速度估计[J]. 电子学报, 2005, 33(10): 1830 – 1807.
Luo X P, Wei W. The analysis on strong convergence (a. s.) and convergence rate estimate of immune genetic algorithm [J]. Acta Electronica Sinica, 2005, 33(10): 1830 – 1807.
- [4] Abo-zahhad M, Ahmed S M, Sabor N. A new method for fastening the convergence of immune algorithms using an adaptive mutation approach[J]. Journal of Signal and Information Processing, 2012, 3(1): 86 – 92.
- [5] 喻寿益, 邝溯琼. 保留精英遗传算法收敛性和收敛速度的鞅方法分析[J]. 控制理论与应用, 2010, 7(7): 843 – 848.
Yu S Y, Kuang S Q. Convergence and convergence rate analysis of elitist genetic algorithm based on martingale approach [J]. Control Theory & Applications, 2010, 27(7): 843 – 848.
- [6] Liu X Y, Zhang A L, Gao Y L, Zhao W. A novel hybrid immune algorithm and its convergence based on the steepest descent algorithm [J]. Applied Mathematics and Computation, 2011, 218(4): 1291 – 1296.
- [7] 戚玉涛, 刘芳, 任元, 刘静乐, 焦李成. 基于合作模型的协同免疫多目标优化算法[J]. 电子学报, 2014, 42(5): 858 – 867.
Qi Y T, Liu F, Ren Y, Liu J L, Jiao L C. A cooperative immune coevolutionary algorithm for multi-objective optimization [J]. Acta Electronica Sinica, 2014, 42(5): 858 – 867.
- [8] Dasgupta D, Yu S H, Fernando N. Recent advances in artificial immune systems: models and applications [J]. Applied Soft Computing, 2011, 11(2): 1574 – 1587.
- [9] Zhang Z H. Immune optimization algorithm for constrained nonlinear multi-objective optimization problems [J]. Applied Soft Computing, 2007, 7(3): 840 – 857.
- [10] Merve A A, Ahmet A. A collaborative filtering method based on artificial immune network [J]. Expert Systems with Applications, 2009, 36(4): 8324 – 8332.
- [11] Hong L, Ji Z C, Gong C L. On an improved clonal selection algorithm and its almost sure strong convergence [J]. Control and Decision, 2010, 25(5): 725 – 729.

作者简介



洪 露(通信作者) 男, 1975 年生于湖南株洲, 博士, 淮海工学院电子工程学院副教授. 研究方向为人工免疫算法理论及应用.

E-mail: honglu912@163.com

王经卓 男, 1971 年生于山东临沂, 博士, 淮海工学院电子工程学院教授. 研究方向为自动化检测与装置.