

文章编号:1001-9081(2009)06-1536-03

基于抗体注射的免疫遗传算法

朱思峰^{1,2}, 邵国金³, 王华东¹

(1. 周口师范学院 数学与信息科学系, 河南 周口 466000; 2. 西安电子科技大学 计算机学院, 西安 710071;

3. 河南城建学院 计算机科学与工程系, 河南 平顶山 467001)

(zhusifeng@163.com)

摘要:标准遗传算法存在收敛速度慢、过早成熟等缺点。借鉴生物免疫系统中抗体注射免疫的理论,提出了一种基于抗体注射的免疫遗传算法(AIGA)。该算法在保留了标准遗传算法随机全局搜索能力的基础上,引进了生物免疫系统的免疫应答、抗体注射和免疫选择等机制。结合旅行商问题(TSP),给出了示范抗体的提取和注射方法,并给出了算法收敛性的理论证明。最后,用AIGA对100个城市的TSP进行了仿真计算,并将其计算过程与标准遗传算法进行了对比,结果表明该算法能有效地改善遗传算法不成熟收敛的缺陷,使收敛的速度有较大的提高。

关键词:遗传算法;免疫算法;抗体;收敛性;旅行商问题

中图分类号: TP39;O224.23 **文献标志码:** A

Immune genetic algorithm based on antibody injection

ZHU Si-feng^{1,2}, SHAO Guo-jin³, WANG Hua-dong¹

(1. Department of Mathematics and Information Science, Zhoukou Normal University, Zhoukou Henan 466000, China;

2. School of Computer Science, Xidian University, Xi'an Shaanxi 710071, China;

3. Department of Computer Science and Engineering, Henan Institute of Architecture and Technology, Pingdingshan Henan 467001, China)

Abstract: Standard genetic algorithm has some disadvantages, such as slow astringency, precocity. A new immune genetic algorithm (AIGA) based on the theory of antibody injection immune was proposed. Immunity response, antibody injection and immunity selection of biological immune systems were introduced to combine with the search ability of standard genetic algorithm in AIGA. When the method of antibody distilling and injecting used in Travelling Salesman Problem (TSP) were presented, the convergence of AIGA was proven theoretically. A simulation test of 100-city TSP was done with AIGA, and its computational process was compared with that of standard genetic algorithms. The test results show that AIGA can overcome the disadvantage of precocity and improve the speed of astringency evidently.

Key words: Genetic Algorithm (GA); immune algorithm; antibody; convergence; Travelling Salesman Problem (TSP)

0 引言

进化计算是基于达尔文进化法则而发展的一种计算智能方法,它以产生于20世纪60年代的遗传算法(Genetic Algorithm, GA)为代表。与传统的优化搜索方法相比,遗传算法具有明显的优越性,已经在工程领域得到了广泛的应用,但它也存在着某些局限性。首先,遗传算法存在过早收敛现象,容易陷入局部最优;其次,算法的局部搜索能力较弱,往往与最优解失之交臂;此外,算法的收敛速度较慢,需要花费大量的计算时间;最后,算法的收敛性在一定程度上依赖于初始种群的质量。上述局限性在很大程度上影响了遗传算法的搜索质量和效率,从而降低了其在工程中的应用效果。

目前,人们利用免疫系统的机理,对遗传算法进行了各种改进,如:利用免疫系统多样性机理维持群体的多样性,避免算法过早收敛^[1];利用克隆选择加强遗传算法的局部搜索能力^[2];利用免疫记忆机制,保留进化过程中出现的较优候选解^[3]等。值得提出的是,由我国著名学者焦李成教授及其领导的科研团队所提出的基于疫苗的免疫进化算法^[4],可以大大改善候选解的质量,在该领域产生了深远的影响。

人体的免疫系统是一个动态平衡系统,通过人体注入外物的方式可以改变免疫系统的性能。目前,根据免疫学的研究成果,有两种提高人体免疫力的途径。一种是注入某种微量病毒(抗原),作用是刺激免疫细胞分泌相关抗体,当人体再接触该类病毒时,被免疫系统的记忆机制识别并迅速产生大量抗体,如人体注射的乙肝疫苗。另一种是注射某种人工合成的蛋白质(抗体),作用是增加人体内某种抗体的浓度,提高对某种病毒的结合消解能力,如人体注射的免疫球蛋白。第一种方式被称为疫苗注射法,第二种方式被称为抗体注射法。文献[4]正是基于人体的疫苗注射免疫机制而开发的仿生学算法,该算法把工程问题的某些先验知识抽象成疫苗,通过接种疫苗和免疫选择来提高候选解的适应度并防止解的退化。

标准遗传算法的收敛速度过慢是制约其在某些领域应用的瓶颈,如对时间较敏感的实时控制。文献[4]在提高候选解的适应度方面效果较好,但算法收敛速度较慢。在深刻分析问题的基础上,给出一个中性候选解(或者是解的轮廓描述),把这个候选解作为示范抗体,在进化过程中注射该抗体。该抗体的注射将大大减少免疫克隆的选择时间,从而提

收稿日期:2009-01-04;**修回日期:**2009-02-26。 **基金项目:**国家自然科学基金资助项目(60575037;60502043);河南省自然科学基金项目(082400440260);河南省教育厅自然科学研究项目(2008A180041)。

作者简介:朱思峰(1976-),男,河南周口人,讲师,硕士,CCF会员,主要研究方向:人工智能、计算智能、智能信息处理;邵国金(1967-),男,河南平顶山人,副教授,硕士,主要研究方向:仿生学算法、自然计算;王华东(1978),男,河南周口人,讲师,硕士,主要研究方向:计算机网络、人工智能。

高遗传算法的整体收敛速度。另外,由于抗体注射起到了启发学习作用,在一定程度上也能改善候选解的质量。基于此,本文仿照人体注射抗体提高免疫力的方式,提出了基于抗体注射的免疫遗传算法,给出了算法的具体步骤、证明了其全局收敛性,并利用 TSP 进行了仿真。

1 算法描述

所谓的示范抗体是指根据待求问题的先验知识,所得到的对较优染色体(较优候选解)的估计。而根据示范抗体修正染色体基因的过程称为抗体注射,其目的是消除在进化过程产生的劣质抗体,从而向更有可能得到全局最佳解的方向进化。基于抗体注射,本文在原有标准遗传算法的框架基础上引入了一个新的算子,即免疫算子(Immune Operator)。同生命科学中的免疫理论类似,免疫算子也有两种类型:全免疫(Full Immunity)和目标免疫(Target Immunity),二者分别对应于生命科学中的非特异性免疫和特异性免疫^[4]。其中,全免疫是指群体中每个个体在遗传算子作用后,对其每一环节都进行一次免疫操作的免疫类型;目标免疫则是指在进行了遗传操作后,经过一定判断,个体仅在作用点处发生免疫反应的一种类型。前者主要应用于个体进化的初始阶段,而在进化过程中基本上不发生作用,否则将很有可能产生通常意义上所说的“同化现象”(Assimilative Phenomenon);后者一般而言将伴随群体进化的全部过程,它是免疫操作的一个基本算子。

在实际的操作过程中,首先,对所求解的问题(抗原)进行具体分析,从中提取出解的大致轮廓信息;然后对解轮廓信息进行处理,以将其转化为局部环境下的一种较优候选解(示范抗体);最后,将该抗体注射到免疫克隆过程中,并用来产生新的高亲度抗体,更新进化种群,完成一次进化迭代。本文的提出的改进遗传算法,涉及2个主要问题:示范抗体的提取、示范抗体注射,下面逐个阐述。

1.1 示范抗体提取

抗体提取的过程也就是对所求问题的解特征信息的提取过程,就 TSP 而言,所求的最优解就是走完所有城市的最短回路,我们可以将走完所有城市的较短回路作为解特征信息,也就是示范抗体。

把城市抽象为图中的节点,把两个城市之间道路的距离抽象为图中连接两个节点的边的权值(两个城市之间无道路,则认为图中连接两个节点的边的权值为无穷大)。TSP 的解就是一个边最多遍历一次且总权值最小的一个回路。

对于 TSP,示范抗体的提取过程就是构造一个回路。若按照边的遍历顺序,把边关联节点构成一个访问序列(如: $v_0, v_1, v_3, v_3, v_2, v_2, v_1, v_0$),每个节点在序列中出现2次。

TSP 中,示范抗体的提取步骤如下:

第1步 初始遍历的边集和节点集为空集。

第2步 取当前图中一条权值最小的边,若把它放入边集不产生回路且该其关联的两个节点在边集出现的次数小于2,则把其放入边集,把其关联的两个节点放入节点集,并在原图中把该边的权值修改为无穷大。

第3步 若节点集以包含所有节点且仅有2个节点的出现次数为1,转向第4步;否则转向第2步。

第4步 把节点集中出现次数为1的两个节点所关联的边的权值放入边集。则边集中所有的边相连构成的回路就是 TSP 的解。用该回路作为示范抗体,用该回路的总权值作为示范抗体的亲度。

1.2 示范抗体注射

在生物免疫系统中,在已有抗原入侵的前提下,若生物体的高亲度抗体产生迟缓,则初次应答时间过长,对生物体的健康是非常不利的。可以通过注射人工合成的针对某类抗原的高亲度抗体(免疫球蛋白),达到增强生物体免疫功能的效果^[5]。种群经过遗传算法的交叉、变异后,有可能出现退化现象。在免疫遗传进化过程中,为了快速激活免疫机理,即刺激种群向更好方向进化,也可以通过给种群注射示范抗体来实现。把种群中的个体看作抗体,设第 k 代种群 $C_k = \{x_1, x_2, \dots, x_m\}$,示范抗体为 $x^* = s_1 s_2 \dots s_l$ 。

给种群注射示范抗体过程如下:首先计算当前种群中每个抗体的亲度和种群的各个抗体平均亲度;若有30%的抗体的亲度超过示范抗体或种群的各个抗体平均亲度高于示范抗体,说明对于系统正在扩张高亲度抗体的过程中,即目前种群正在向有效的方向进化,不需注射示范抗体;否则,挑选当前种群中亲度小于示范抗体的抗体,对其同位基因作如下处理:对每个同位基因按照概率 α ($0 < \alpha < 1$) 转移为示范抗体的基因位。

需要说明的是,转移概率 α 的取值非常关键。若示范抗体选取得较好,可以给转移概率 α 取稍大的值($0.5 < \alpha < 1$),这样可以使示范抗体发挥更多的示范作用,刺激种群向更接近最优解的方向快速进化;若示范抗体选取得不太好,转移概率 α 取稍大的值可能导致种群快速局部收敛,甚至得不到最优解。

1.3 算法流程

基于抗体注射的免疫遗传算法的执行步骤如图1所示。

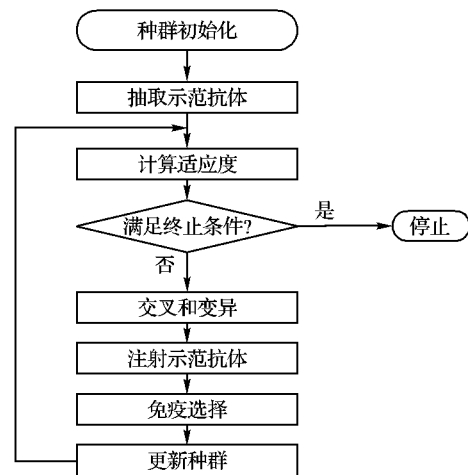


图1 算法流程

算法的描述如下:

第1步 初始化种群,根据所要求解的问题,随机生成 N 个个体作为初始种群 A_0 。

第2步 提取示范抗体,对问题的解结构进行分析,利用先验知识提取出一个较优候选解,作为示范抗体 x^* 。

第3步 计算当前第 K 代种群中所有个体的适应度值,并把选择 W 个高适应度的个体放入记忆群体 H 中;进行终止条件判断,若满足条件则停止运行并输出结果,否则,继续。

第4步 对当前的种群 A_k 进行交叉操作,得到种群 B_k ,然后对种群 B_k 进行变异操作,得到种群 C_k ,此时,当前种群的个体数为 $N + M$,其中 M 为交叉变异产生的新个体数。

第5步 对当前种群 C_k 注射示范抗体 x^* ,得到种群 D_k ,当前种群的个体数仍为 $N + M$ 。

第6步 对种群 D_k 进行免疫选择。对种群 D_k 和记忆群体 H 中的个体进行两两比较,取最优的 W 个抗体更新记忆群体 H 。

第7步 从种群 D_k 和记忆群体 H 中选择适应度值高的 N 个个体,作为新一代种群 A_{k+1} ,转至第3步。

2 收敛性证明

设第一代种群的规模为 N ,则所有种群的规模均为 N ,种群中的所有个体均为 L 位的 r 进制编码。算法中的交叉操作选择一点或多点均可,变异操作是对每个基因位以概率 P_M 相互独立地进行变异,变异后处于其他任一状态的概率均为 $1/(r-1)$ 。算法的状态转移情况可用如下的随机过程来表述:

$$A_k \xrightarrow{\text{交叉}} B_k \xrightarrow{\text{变异}} C_k \xrightarrow{\text{注射抗体}} D_k \xrightarrow{\text{免疫选择}} A_{k+1}$$

下面首先给出算法收敛性的相关定义如下。

定义1 全局最优解集。Y 为序列 $\{A(k), k \geq 0\}$ 的全局最优解集,当 $Y = \{b_i \mid \forall a_i \in I \text{ 有 } f(b_i) \geq f(a_i)\}$ 。

定义2 当与算法对应的马尔可夫序列 $\{A(k), k \geq 0\}$ 满足 $\lim_{k \rightarrow \infty} \{[A(k) \subset Y]\} = 1$ 则称该算法是收敛的。

定义3^[6] 设 $\{A(k) \mid k \geq 0\}$ 为有限时齐马尔可夫链, $p_{ij}^{(k)}$ 为 k 步转移概率,若存在 $k \geq 1$,使 $p_{ij}^{(k)} > 0$,则称状态 i 可达状态 j ,记作 $i \rightarrow j$;否则称状态 i 不可达状态 j 。若有 $i \rightarrow j$ 和 $j \rightarrow i$ 同时成立,则称 i 与 j 互通。

定义4 若存在一个状态 j 与状态 i 互通,则称为状态 i 是本质状态,否则称其为非本质状态。

基于上述定义,给出以下定理:

引理1^[7] 免疫记忆集 H 为本文算法的全局最优解集。

定理1 免疫记忆空间 I_H 中的所有状态均为本质状态。

证明 $I_H \subseteq I_A$ 。在空间 I_A 中,状态 i 经过交叉、变异和抗体注射后得到状态 j ,即是 $\forall j \exists i(i \rightarrow j \wedge i \in I_A \wedge j \in I_A)$,故空间 I_A 中的所有状态均为本质状态。那么,免疫记忆空间 I_H 中的所有状态均为本质状态。

定理2 设本文算法中全体抗体状态集为 $S = E \cup \tilde{E}$,其中 E 为本质状态集, \tilde{E} 为非本质状态集。则 $\lim_{k \rightarrow \infty} \{A(k) \subset \tilde{E}\} = 0$ 。

证明 \tilde{E} 为非本质状态集,显然, $\{A(i), i \geq 0 \wedge A(i) \subset \tilde{E}\}$ 是一个马尔可夫链。利用文献[7],可得 $\lim_{k \rightarrow \infty} p\{A(k) \subset \tilde{E}\} = 0$ 。

定理3 本文算法是收敛的,其收敛空间为 I_H 。

证明 对于本文算法中的抗体群序列 $\{A(k), k \geq 0\}$,全局最优解集为 Q ,本质状态集为 E ,显然 $Q \subset E$,故有

$$\begin{aligned} \lim_{k \rightarrow \infty} p\{A(k) \subset Q\} &= \lim_{k \rightarrow \infty} p\{A(k) \subset E\} = \\ 1 - \lim_{k \rightarrow \infty} p\{A(k) \subset \tilde{E}\} &= 1 - 0 = 1 \end{aligned}$$

补充说明:算法收敛是指当算法迭代到足够多的次数以后,群体中包含全局最佳个体的概率接近于1。这种定义即为通常所说的概率1收敛。

3 TSP 的仿真实验

TSP 是一种难于用常规算法求解的、典型的 NP 问题。近年来,用基于以遗传算法为代表的进化计算来求解 TSP 已有

不少结果,在一定程度上也被间接地作为对各种非线性优化方法的评价标准。TSP 描述如下:设一个城市集合 $C = \{c_1, c_2, \dots, c_n\}$,每两个城市间的距离为 $d(c_i, c_j)$ 。求一条经过 C 中所有城市一条路径,使得 $\sum_{i=1}^{n-1} d(c_i, c_{j_i}) + d(c_n, c_1)$ 最小。

在仿真试验中,以著名的100城市的TSP为例^[8],并取群体规模为100;交叉概率为0.5~0.85,变异概率为0.01~0.1,抗体注射后个体基因位转移概率为0.4~0.6。在基本参数保持不变的前提下,分别应用标准遗传算法和本文的算法对TSP进行求解。如果假定群体的最佳适应度值在100次连续迭代过程中不被更新,则认为该最佳适应度值所对应的个体为最佳个体。计算过程中,每隔10代记录一次进化结果,则本文的算法在第1050代首次出现后来被认定的最佳个体(见图2),而标准遗传算法则在第4600代才出现该最佳个体(见图3)。利用本文算法所得到的最优化路径如图4所示。很明显本文算法的收敛速度比遗传算法快而且结果也比遗传算法更精确。

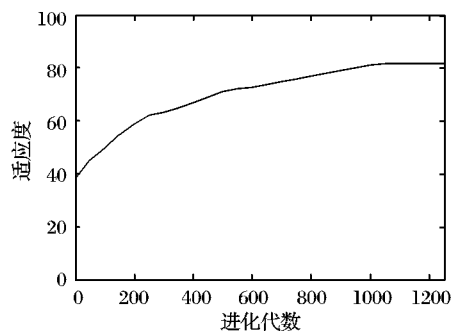


图2 本文算法的计算曲线

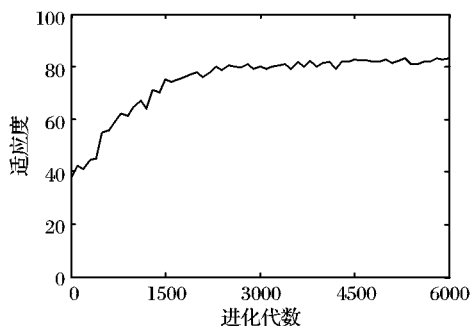


图3 标准遗传算法的计算曲线

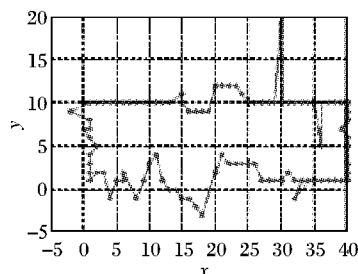


图4 本文算法的计算结果

4 结语

本文提出的基于抗体注射的免疫遗传算法,不仅继承了遗传算法强大的搜索能力,而且由于借助了抗体注射的局部最优性质使得算法收敛速度更快,另外,免疫系统本身具有的多样性的性质,使得算法避免了标准遗传算法的“早熟”现象。该算法在NP问题领域有着广泛的应用前景。

(下转第1543页)

粒子群算法对网络结构进行打分式搜索,从而取得理想的网络结构。实验结果表明在无需先验节点顺序的条件下,KPSO算法始终能够取得比BN-PSO算法和K2更优异的网络得分。在处理基因数据的实验中,KPSO算法重建的基因调控网络结构在已有生物学知识的前提下取得64%的正确率,另外36%的有向边尚未被生物信息学领域证明是否存在。

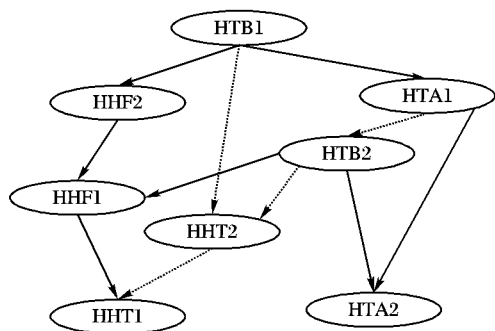


图4 KPSO构建的酵母基因调控网络

参考文献:

- [1] de HIDDE J. Modeling and simulation of genetic regulatory system: a literature review [J]. *Journal of Computational Biology*, 2002, 9(1): 67 - 103.
- [2] KAUFFMAN S A. The origins of order: self-organization and selection in evolution [M]. New York: Oxford University Press, 1993.
- [3] CHEN K C, WANG T Y, TSENG H H. A stochastic differential equation model for quantifying transcriptional regulatory network in *Saccharomyces cerevisiae* [J]. *Bioinformatics*, 2005, 21(12): 2883 - 2890.
- [4] FRIEDMAN N, LINIAL M, NACHMAN I. Using Bayesian networks to analyze expression data [J]. *Journal of Computational Biology*, 2000, 7(3): 601 - 620.
- [5] CHEN X W, ANANTHA G, WANG X K. An effective structure learning method for constructing gene networks [J]. *Bioinformatics*, 2006, 22(11): 1367 - 1374.
- [6] ELOWITZ M B, LEIBLER S. A synthetic oscillatory network of transcriptional regulators [J]. *Nature*, 2000, 403(6767): 335 - 338.
- [7] BUTTE A J, KOHANE I S. Mutual information relevance networks: functional genomic clustering using pairwise entropy measurements [EB/OL]. [2008 - 10 - 10]. <http://helix-web.stanford.edu/psb00/butte.pdf>.
- [8] HECKERMAN D, GEIGER D, CHICKERING D M. Learning Bayesian networks: The combination of knowledge and statistical data [J]. *Machine Learning*, 1995, 20(3): 197 - 243.
- [9] COOPER G E, HERSKOVITS E. A Bayesian method for the induction of probabilistic networks from data [J]. *Machine Learning*, 1992, 9(4): 309 - 347.
- [10] LARRAGA P, POZA M, YURRAMENDI Y, *et al.* Structure learning of Bayesian network by genetic algorithms: A performance analysis of control parameters [J]. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 1996, 18(9): 912 - 926.
- [11] HENG X C, QIN Z, TIAN L, *et al.* Learning Bayesian network structures with discrete particle swarm optimization algorithm [C]// *IEEE Symposium on Foundations of Computational Intelligence 2007: FOCI 2007*. Washington, DC: IEEE Press, 2007: 47 - 52.
- [12] KENNEDY J, EBERHART R C. Particle swarm optimization [C]// *Proceedings of the IEEE International Conference on Neural Networks*. Piscataway, New Jersey: IEEE Press, 1995: 1942 - 1948.
- [13] DU T, ZHANG S S, WANG Z J. Learning Bayesian networks from data by particle swarm optimization [J]. *Journal of Shanghai Jiaotong University: Science*, 2006, E-11(4): 423 - 429.
- [14] PROAKIS J. Digital communications [M]. New York: McGraw-Hill, 2000.
- [15] OLESEN K, ADERS L M. Maximal prime subgraph decomposition of Bayesian networks [J]. *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics*, 2002, 32(1): 21 - 31.
- [16] SHI Y, EBERHART R C. A modified particle swarm optimizer [C]// *Proceedings of the IEEE International Conference on Evolutionary Computation*. Piscataway, NJ: IEEE Press, 1998: 69 - 73.
- [17] SPELLMAN P T, SHERLOCK G, ZHANG M Q, *et al.* Comprehensive identification of cell cycle-regulated genes of the yeast *saccharomyces cerevisiae* by microarray hybridization [J]. *Molecular Biology of the Cell*, 1998, 9(12): 3273 - 3297.
- [18] von MERING C, KRAUSE R, SNEB B, *et al.* Comparative assessment of large-scale datasets of protein-protein interactions [J]. *Nature*, 2002, 417(6887): 399 - 403.
- [19] YU J, SMITH V A, WANG P P, *et al.* Advances to Bayesian network inference for generating causal networks from observational biological data [J]. *Bioinformatics*, 2004, 20(18): 3594 - 3603.
- [20] VENDITTI S, VEGA-PALAS MA, di STEFANO G, *et al.* Imbalance in dosage of the genes for the heterochromatin components Sir3p and histone H4 results in changes in the length and sequence organization of yeast telomeres [J]. *Mol Gen Genet*, 1999, 262(2): 367 - 377.
- [21] MOSAMMAPARAST N, JACKSON K R, Goub Y, *et al.* Nuclear import of histone H2A and H2B is mediated by a network of karyopherins [J]. *Journal of Cell Biology*, 2001, 153(2): 251 - 262.

(上接第1538页)

参考文献:

- [1] 左兴权, 李士勇. 一种新的免疫优化算法及其性能分析 [J]. *系统仿真学报*, 2003, 15(11): 1607 - 1609.
- [2] CAO P B, Xiao R B. Assembly planning using a novel immune approach [J]. *International Journal of Advanced Manufacturing Technology*, 2007, 31(7): 770 - 778.
- [3] XIAO R B, TAO Z W, LIU Y. Isomorphism identification of kinematics chains using novel evolutionary approaches [J]. *ASME Journal of Computing and Information Science in Engineering*, 2005, 5(1): 18 - 24.
- [4] JIAO L C, WANG L. A novel genetic algorithm based on immunity [EB/OL]. [2008 - 10 - 10]. http://diuf.unifr.ch/people/wang/AIS_IEEE.pdf.
- [5] 朱锡华. 生命的卫士 - 免疫系统 [M]. 北京: 科学技术文献出版社, 2004.
- [6] 张问修, 梁怡. 遗传算法的数学基础 [M]. 西安: 西安交通大学出版社, 2007.
- [7] 于瀛, 候朝栋. 一种克隆选择算法的收敛性分析 [J]. *计算机应用研究*, 2006, 23(6): 96 - 98.
- [8] Universitat Heidelberg. TSPLib [EB/OL]. [2009 - 01 - 02]. <http://www.iwr.uni-heidelberg.de/groups/comopt/software/TSPLIB95/>.