

文章编号:1001-9081(2006)04-0886-02

采用粒群优化的免疫克隆算法

刘丽珏¹, 蔡自兴¹, 唐 琛^{1,2}

(1. 中南大学 信息科学与工程学院, 湖南 长沙 410075;
2. 国防科技大学 通信与信息系统博士后流动站长城信息工作站, 湖南 长沙 410007)
(jade_llj@hotmail.com)

摘要: 利用免疫系统的克隆选择机制, 结合粒群优化算法的进化方程, 提出一种用于函数优化的算法。算法的主要特点是利用免疫处理操作, 提高种群的多样性, 利用进化方程提高收敛速度。仿真程序表明, 该算法能以较快速度完成给定范围的搜索和全局优化任务。

关键词: 免疫; 粒子群优化算法; 克隆; 变异

中图分类号: TP183 **文献标识码:**A

Immunity clone algorithm with particle swarm optimization

LIU Li-jue¹, CAI Zi-xing¹, TANG jin^{1,2}

(1. School of Information Science and Engineering, Central South University, Changsha Hunan 410075, China;
2. Great Wall Information Co. Ltd, National University of Defense Technology, Changsha Hunan 410007, China)

Abstract: To use the clonal selection mechanism of the immune system and combine with the evolution equation of particle swarm optimization, an advanced algorithm was introduced to optimize functions. The advantages are via immunity operation to maintain diversity of the antibodies, and the speed of convergent are improved by using evolution equation. The simulation results show that the algorithm can converge to the global optimum at quicker rate in a given range.

Key words: immunity; particle swarm optimization; clone; mutation

0 引言

基于免疫学原理而发展的人工免疫系统已经用于处理计算机安全等多种工程和科学问题^[1]。克隆选择算法^[2](Clonal Selection Algorithm, CLONALG)是由 De Castro 和 Von Zuben 在 2000 年提出的一种算法, 其灵感来自生物获得免疫的克隆选择原理^[3]。在生物免疫系统中, 一旦病原体侵入机体就被分解为抗原片段, B 淋巴细胞能够产生相应的抗体与抗原结合, 同时活化、增殖和分化, 产生浆细胞, 通过中和、溶解和调理等作用, 最终使抗原从体内清除。另有一些 B 细胞变成了长期存活的记忆细胞, 它通过血液、淋巴和组织液循环, 为下一次快速、高效地消除相同或者类似抗原引起的感染奠定了基础。

由于克隆选择机制中存在着克隆、超变异、抗体与抗原特异性结合, 未被激发的细胞消亡及记忆细胞的产生等过程, 因此在保证收敛速度的同时又能维持抗体的多样性。但抗体的进化主要依靠变异完成, 而变异是随机的, 无方向的, 容易破坏抗体的结构, 使得收敛速度变慢。

粒群优化算法^[3](Particle Swarm Optimization, PSO)是一种利用群体协作来达到目的的群智能算法。它根据全体粒子和自身的搜索经验向着最优解方向“飞行”, 在进化前期收敛速度快, 可以使粒子尽快到达最优解周围, 在后期则容易陷入局部极值。本文提出一种采用粒群优化的免疫克隆算法 PCLONALG, 该算法利用粒群优化的进化方程指导抗体的变

异方向, 利用克隆选择的变异增加抗体的多样性。仿真实验说明该算法收敛速度快, 运算简单, 易于实现。

1 克隆选择算法

克隆选择算法模拟生物免疫系统的克隆选择原理, 一般将待优化的目标函数及其约束条件视为抗原, 其算法步骤如下:

- 1) 初始化: 随机产生 N 个抗体对应问题的可能解。
- 2) 评价和选择 1: 将 N 个抗体分解成由 m 和 r 个抗体组成的两部分 Am, Ar , 分别表示进入记忆集的抗体和剩下的部分, 其中进入记忆集的都是亲和度较高的抗体。
- 3) 克隆: 在亲和度最高的抗体中选择 k 个进行克隆, 克隆的数量与其亲和度成正比。
- 4) 变异: 模拟生物克隆选择中的超变异过程, 对克隆后的抗体执行变异操作, 变异按某一变异概率以一定规模随机进行。
- 5) 评价和选择 2: 重新计算变异后的抗体的亲和度, 若克隆变异后的抗体中亲和度最高的抗体比原抗体的亲和度还要高, 就用该抗体替换原抗体, 形成新的记忆集。
- 6) 消亡: 模拟生物克隆选择中 5% 的 B 细胞自然消亡的过程, 在 Ar 中选择 d 个亲和度最低的抗体重新初始化, 以保证抗体的多样性。
- 7) 检查是否满足终止条件, 若是则终止, 否则转到 2), 进入下一次迭代。

收稿日期: 2005-10-20; 修订日期: 2005-12-19

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(60234030); 教育部留学回国人员科研启动基金

作者简介: 刘丽珏(1973-), 女, 湖南长沙人, 讲师, 博士研究生, 主要研究方向: 人工智能、智能计算; 蔡自兴(1938-), 男, 福建莆田人, 教授, 纽约科学院院士, 博士生导师, 主要研究方向: 人工智能、智能控制、机器人学; 唐琎(1966-), 男, 湖南武冈人, 副教授, 博士, 主要研究方向: 机器人环境建模、数据融合、图像处理。

2 采用粒群优化的免疫克隆算法

通过对克隆选择算法进行分析不难发现,克隆选择的实质是在一代进化中,在候选解的附近,根据亲和度的大小产生一个新的子群体,从而扩大搜索范围;并通过抛弃亲和度低的抗体重新初始化,保持种群的多样性。但由于抗体的进化主要通过各自的变异进行,变异是随机的,导致收敛速度较慢,一些文献提出了自己的改进方法。如文献[4]提出一种改进免疫克隆多样性算法,采用实数编码,但它采用变异整个抗体群的方式进行变异,没有保持上代中亲和度高的抗体的优势。文献[5]结合小生境技术,提出一种新的免疫算法,但该算法没有克隆操作,虽提高了收敛速度,但限制了搜索空间。而且所有这些算法有一个共同特点,就是抗体间无明显的信息交流。每次变异后选择更好的抗体取代原抗体,利用了自身的历史信息,但却忽视了与同伴抗体的信息共享,没有利用集体的力量,使得收敛速度不高。

而在粒群优化算法中每个备选解被称为一个“粒子”,由随机生成的多个最初粒子开始,不断进化,合作寻优。基本粒子群算法的进化方程^[6]可表示如下:

$$\begin{aligned} v_{id}(t+1) &= \omega v_{id}(t) + c_1 r_1(p_{id}(t) - x_{id}(t)) + \\ &\quad c_2 r_2(p_{gd}(t) - x_{id}(t)) \end{aligned} \quad (1)$$

$$x_{id}(t+1) = x_{id}(t) + v_{id}(t+1) \quad (2)$$

其中下标“*i*”表示粒子*i*;下标“*d*”表示粒子的第*d*维;*t*表示第*t*代; $X_i = (x_{i1}, x_{i2}, \dots, x_{in})$ 表示粒子*i*的当前位置; $V_i = (v_{i1}, v_{i2}, \dots, v_{in})$ 表示粒子*i*的当前速度; $P_i = (p_{i1}, p_{i2}, \dots, p_{id})$ 表示粒子*i*迄今为止搜索到的最优位置; $P_g = (p_{g1}, p_{g2}, \dots, p_{gd})$ 表示整个粒子群迄今为止搜索到的最优位置; c_1, c_2 为加速常数; r_1, r_2 为[0,1]之间的随机数; ω 为惯性因子。为减少进化过程中粒子离开搜索空间的可能性, v_{id} 通常限定在 $[-V_{\max}, V_{\max}]$ 内。算法开始时随机产生粒子群的初始位置和速度,然后按公式(1),(2)进行迭代,直至找到满意的解。由于粒群优化有明确的方向性,在算法初期收敛速度很快;但由于粒子总向着自身最好位置和全局最好位置飞行,一旦陷入局部极值就很难跳出来,因此在算法后期,收敛速度降低。

为加快收敛速度,同时保持粒子群的多样性,受到粒群优化算法的启发,本文将粒子群的进化方程引入免疫克隆中,由于通过克隆选择,每个抗体已经利用了自身的历历史信息,因此在引入粒群优化的进化方程时算法只考虑向全局最优飞行,即利用公式(3)使进化具有更明确的方向性以提高收敛速度,同时利用免疫算法中的变异和消亡操作,以保证抗体的多样性,既利用了克隆算法保持抗体多样性的优势,又利用了PSO算法中群体信息共享的特点。

$$v_{id}(t+1) = \omega v_{id}(t) + cr(p_{gd}(t) - x_{id}(t)) \quad (3)$$

算法描述如下:

- 1) 随机初始化种群*A*,种群大小为*N*,确定每个抗体的初始位置和速度;
- 2) 根据目标函数计算所有抗体的亲和度;
- 3) 若达到结束条件,算法终止;
- 4) 选出部分亲和度高的进入记忆*Am*,剩下的抗体记为*Ar*;
- 5) 在*Am*中选出亲和度最高的*k*个抗体进行克隆得到*Ac*,克隆的数量与亲和度成正比;
- 6) 将*Ac*中的抗体与亲和度成反比进行变异;
- 7) 重新计算*Ac*中每个抗体的亲和度;

8) 按(3)式对*Ac*中每个抗体的速度和位置进行更新,同时限制其不超过边界,并更新*P_g*;

9) 若存在新抗体*p*, $p = \min\{f(x_j) | j = 1, 2, \dots, n\}$,使得 $f(p) < f(x_i)$,则用*p*取代原抗体*x_i*,更新抗体群;

10) 在*Ar*中取得*d*个亲和度最低的抗体运用消亡算子予以抛弃,将其重新初始化;

11) 回到2)。

在上述算法中,克隆的规模是与亲和度成正比的,即亲和度越高,越接近最优解的抗体被克隆得越多,在这里克隆的数目*n*按式(4)计算:

$$n = \left[\frac{\beta N}{i} \right] \quad i = 1, 2, 3, \dots \quad (4)$$

$\beta \in (0, 1)$ 是克隆常数,*N*是种群规模,将抗体按亲和度排序,*i*是其序号。

而变异的程度则与亲和度成反比,亲和度越高变异率越小,不失一般性,对求解最小值的问题:

$$\rho = c \frac{f(x_i)}{\sum f(x_i)} \quad (5)$$

其中 ρ 是抗体的变异率,*c*是变异数,与具体问题有关。变异并不作用到原始种群,为了能在亲和度高的抗体周围集中搜索,同时又保证抗体的多样性,本文引入了一种自适应变异算子,即对每一个变异算子作用到的个体分量 x_i :

$$x'_i = x_i + \rho N(0, 1) \quad (6)$$

其中 $N(0, 1)$ 是一个服从标准正态分布的随机数。

3 仿真实验

为测试算法性能采用了以下三个典型测试函数:

$$f_1(X) = \sum_{i=1}^n (x_i^2 - 10\cos(2\pi x_i) + 10) \quad -5.12 \leq x_i \leq 5.12 \quad (7)$$

$$f_2(X) = \sum_{i=1}^n x_i^2 / 4000 - \prod_{i=1}^n \cos(x_i / \sqrt{i}) + 1 \quad -600 \leq x_i \leq 600 \quad (8)$$

$$f_3(X) = \sum_{i=1}^n (100(x_{i+1} - x_i^2)^2 + (1 - x_i)^2) \quad -30 \leq x_i \leq 30 \quad (9)$$

f_1 是Rastrigin函数,多峰,在 $x_i = 0 (i = 1, 2, \dots, n)$ 时达到全局极小点,在 $(-5.12, 5.12)$ 范围内约存在 $10n$ 个局部极小点。

f_2 是Griewank提出的,全局极小在 $x_i = 0 (i = 1, 2, \dots, n)$ 时达到,局部极小值在 $x_i \approx \pm k \cdot \pi \sqrt{i} (i = 1, 2, \dots, n; k = 0, 1, 2, \dots, n)$ 时达到。

f_3 是Rosenbrock函数,非凸、病态函数,在 $x_i = 1$ 时达到极小值点。

初始种群大小为20,维数为20,最大截止代数为100的情况下,连续10次实验结果与克隆选择算法和粒群优化算法的比较见表1。

从实验数据分析,本文提出的算法在三个函数上均优于PSO算法与CLONALG算法,收敛速度和精度都有明显提高。图1,图2和图3分别显示了PSO,CLONALG和PCLONALG在三个函数上的实验结果。从图中也可看出,本文提出的算法效率较高。

从图 3 可以看出, 基于群集和组播方式的代理系统在服务器为五台的时候, 各个服务器的性能仍然维持着较好的性能, 五台服务器为一台服务器性能的 4.96 倍。负载分配如表 1 所示。

表 1

	两台服务器	三台服务器	四台服务器	五台服务器
标准差	1.503 117	4.232 452	18.303 21	29.365 17
最高	1 002	1 005	1 032	1 051
最低	998	997	983	959

从表 1 中可知代理以相对均匀的负载分配方式在各个主机上执行。

4 结语

从实验测试数据来看, 本文提出的基于群集和组播的代理系统框架, 有较好的性能, 便于扩展。有可观的实际应用价值。此框架研究中, 移动代理的保护和代理服务的安全考虑

的不够, 有待实际应用开发时做进一步研究。

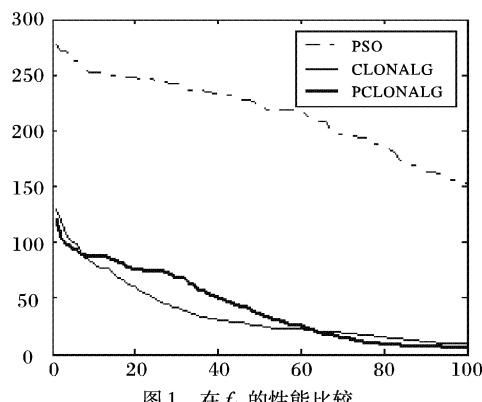
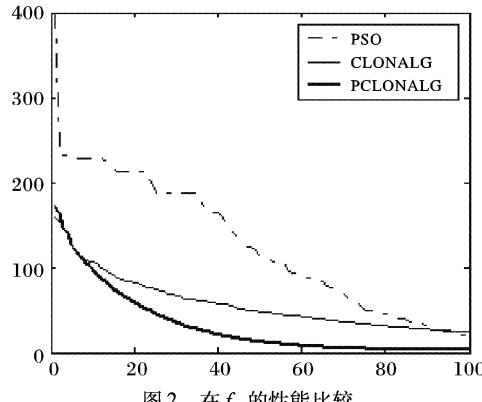
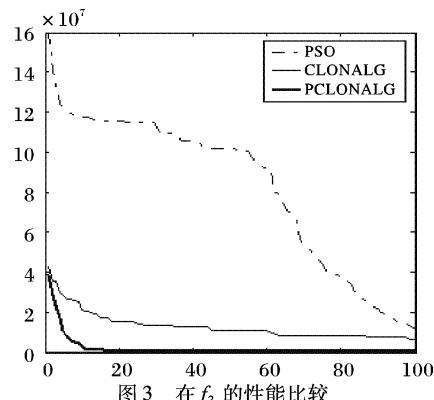
参考文献:

- [1] 何炎祥, 陈莘萌. Agent 和多 Agent 系统的设计与应用 [M]. 北京: 清华大学出版社, 2001.
- [2] CASE S, AZARMI N, THINT M, et al. Enhancing E-Communities with Agent-Based Systems [J]. IEEE Computer, 2001, 34(7): 64 - 69.
- [3] PADOVAN B, SACKMANN S, EYMAN T, et al. A Prototype for an Agent Based Secure Electronic Marketplace including Reputation Tracking Mechanisms [A]. Proceedings of the 34th Hawaiian International Conference on Systems Sciences [C]. Outrigger Wailea Resort, Maui: IEEE Computer Society, 2001.
- [4] 张大陆, 林晨. 移动代理在电子商务中的安全模型研究 [J]. 计算机应用, 2005, 25(6): 1271 - 1273.
- [5] CHAUHAN D, BAKER A. JAFMAS: a multiagent application development system [A]. Proceedings of the 2nd International Conference on Autonomous Agents (Agents'98) [C]. Minneapolis, ACM Press, 1998.

(上接第 887 页)

表 1 实验结果比较

函数	算法	最优解	平均解
f_1	PSO	100.956 388	148.130 815
	CLONALG	5.321 377	9.165 772
	PCLONALG	2.112 122	4.454 137
f_2	PSO	8.200 318	16.559 836
	CLONALG	17.210 625	23.256 304
	PCLONALG	0.704 662	2.082 192
f_3	PSO	2 147 208.025	8 553 223.722
	CLONALG	1 922 456.118	6 310 264.824
	PCLONALG	4.996 183	523.215 021

图 1 在 f_1 的性能比较图 2 在 f_2 的性能比较

4 结语

介绍了克隆选择的基本原理, 并将其与粒子群优化算法结合, 提出了一种函数优化算法。该算法的主要步骤包括, 亲和度计算、选择、克隆、超变异、消亡和位置移动等, 属随机优化算法, 具有显示的并行性。并通过三个典型测试函数对算法进行了仿真实验, 与 CLONALG 算法和 PSO 的结果进行了比较。结果表明, 本文所提算法收敛速度提高, 解的多样性增加, 有很好的效果。

参考文献:

- [1] 莫宏伟. 人工免疫系统原理与应用 [M]. 哈尔滨: 哈尔滨工业大学出版社, 2002.
- [2] DE CASTRO LN, VON ZUBEN FJ. Learning and Optimization Using the Clonal Selection Principle [J]. IEEE Transactions on Evolutionary Computation, Special Issue on Artificial Immune Systems, 2002, 6 (3): 239 - 251.
- [3] KENNEDY J, EBERHART RC. Particle swarm optimization [A]. Proceedings of IEEE International Conference on Neural Networks [C]. Perth Australia, 1995. 1942 - 1948.
- [4] 莫宏伟, 金鸿章. 用于函数优化的改进免疫克隆多样性算法 [J]. 哈尔滨工程大学学报, 2004, 25(1).
- [5] 张著洪, 黄席樾. 一种新的免疫算法及其在多模态函数优化中的应用 [J]. 控制理论与应用, 2004, 21(1).
- [6] 曾建潮, 介婧, 崔志华. 微粒群算法 [M]. 北京: 科学出版社, 2004.