

文章编号: 1001-0920(2007)11-1309-04

## 基于免疫原理的差分进化

吴燕玲<sup>1,2</sup>, 卢建刚<sup>1</sup>, 孙优贤<sup>1</sup>

(1. 浙江大学 工业控制技术国家重点实验室, 杭州 310027; 2. 安徽大学 测量与控制系, 合肥 230039)

**摘要:** 为了提高疫苗在复杂函数优化问题中的正确性和使用效率, 提出一种新的疫苗形式及其提取方法, 并给出了接种概率的自适应确定方法. 将上述方法与差分进化相结合, 得到一种新算法——免疫差分进化 (IDE). 引入超变异算子来维持种群的多样性, 防止早熟现象. 实验结果表明, 与标准的差分进化算法相比, 新算法计算量小, 收敛速度快, 全局寻优能力强.

**关键词:** 差分进化; 免疫疫苗; 优良个体; 收敛性

**中图分类号:** TP18 **文献标识码:** A

## Differential evolution based on immunity

WU Yan-ling<sup>1,2</sup>, LU Jian-gang<sup>1</sup>, SUN You-xian<sup>1</sup>

(1. State Key Laboratory of Industrial Control Technology, Zhejiang University, Hangzhou 310027, China; 2. Department of Measurement and Control, Anhui University, Hefei 230039, China. Correspondent: LU Jian-gang, E-mail: jglu@ipc.zju.edu.cn)

**Abstract:** In order to improve the efficiency and correctness of vaccines for the problems of parameter optimization, a new form of vaccine and its obtaining method are proposed as well as a method of deciding the probability of vaccination. These new methods are integrated into differential evolution to speed up the convergence rate of the algorithm by proliferating excellent schemas and restraining the degenerate phenomenon. Hypermutation is used to keep the population's diversity and overcome the prematurity. Experiment results show that, by using the proposed method, the computational time is reduced and the convergence rate is increased greatly without compromising the solution quality.

**Key words:** Differential evolution; Vaccine; Excellent individuals; Convergence

### 1 引言

与传统的局部优化算法不同, 进化算法采用群体搜索技术, 通过对当前种群进行重组、变异和选择等操作产生新一代种群, 并逐步使种群进化到包含或接近最优解的状态<sup>[1]</sup>. 差分进化 (DE) 算法是新近提出的一种智能优化方法<sup>[2]</sup>, 它具有高效性、收敛性、鲁棒性等优点, 并且简单易用, 在多个领域取得了成功<sup>[3,4]</sup>. 常规的差分进化算法由父代间的差异产生子代, 其子代的产生受变异率和杂交率的影响有很大的随机性, 因此寻优缓慢, 计算量大. 当问题变得复杂时, 上述情况尤为严重. 因此, 提高它的收敛速度很有必要.

目前, 人们已在这方面做了许多工作, 例如引入

局部搜索算子<sup>[3]</sup>, 利用蚁群搜索的概念来寻找合适的变异操作<sup>[4]</sup>, 与粒子群算法相结合的混合方法<sup>[5]</sup>, 采用新的变异操作<sup>[6]</sup>等. 上述方法都在一定程度上改进了收敛速度, 但却没有注意利用问题的特征信息和学习过程中积累的经验. 本文将基于疫苗接种的免疫概念<sup>[7,8]</sup>及其理论应用于差分进化, 提出一种新的优化方法——免疫差分进化. 该方法在保留差分进化优良特性的前提下, 充分利用在学习过程中积累的经验来制作疫苗, 用以抑制变异和交叉中的退化现象.

免疫算法是受生物免疫系统的启发而设计的一种启发式算法, 已应用于故障诊断、模式识别等领域<sup>[9,10]</sup>. 文献[7]将基于疫苗接种的免疫思想应用于

收稿日期: 2006-07-14; 修回日期: 2006-11-13.

基金项目: 国家自然科学基金重点项目 (60736021); 国家高技术研究发展计划项目 (2006AA04Z184); 浙江省科技计划项目 (2006C11066, 2006C31051); 安徽省教育厅科研基金项目 (2005jg1033).

作者简介: 吴燕玲 (1971—), 女, 北京人, 博士生, 从事进化计算、过程建模等研究; 孙优贤 (1940—), 男, 浙江诸暨人, 中国工程院院士, 教授, 博士生导师, 从事鲁棒控制与容错控制的研究.

遗传算法,显著提高了算法的收敛速度.文献[11]针对无先验知识的优化问题,提出一种疫苗自动获取的方法.在上述方法中,都是针对基因位的字符相同来提取疫苗的,这种疫苗对于复杂函数优化问题的指导性不强.对于接种概率的确定也比较粗糙,没有充分利用学习中获得的知识.上述缺点影响了疫苗的使用效果和算法的速度,在某些情况下甚至会加大计算量.为此,本文提出了基于优良个体相同的参数分布区间的新疫苗形式,并提出了利用前期学习经验确定接种概率的新方法.同时引入了超变异算子来保持群体的多样性,克服早熟现象.实验证明,改进措施提高了疫苗的使用效率,加速了算法的收敛.

## 2 疫苗自动获取与更新的免疫差分进化

差分进化中新个体的产生有很大的随机性.用于多参数估计时,可能由于对应于某些参数的基因发生严重退化而导致个体被淘汰,使该个体中对应于另一些参数的基因的进化不能被利用,从而影响了进化速度.增加免疫算子可使算法有选择、有目的地利用问题的特征信息,防止个体的某些基因发生退化现象,加速收敛速度.

假设待优化问题为

$$\min f(x_1, \dots, x_m, \dots, x_M),$$

$$l_m \leq x_m \leq h_m, m = 1, 2, \dots, M. \quad (1)$$

其中  $l_m$  和  $h_m$  是第  $m$  个待优化参数  $x_m$  的上下限.设种群有  $N$  个个体,每个个体包括  $M$  个参数.将种群中的所有个体按适应值从小到大的顺序排列,其优良个体定义为排在队列前  $1/3$  的个体.假设在不符合疫苗规定的取值范围的个体中,适应值最小的个体排在第  $k$  位,记该个体为  $a_k$ .

### 2.1 疫苗的提取

疫苗是根据先验知识从待求问题中提取的一种特征信息<sup>[12]</sup>.然而有许多问题难以获得先验知识和求解规律,对于这些问题,疫苗是在分析优良个体共同特点的基础上制造的.由于差分进化中选择操作的特点,当前群体中的优良个体就是进化到当前所发现的优良个体.

基于参数相同分布范围的疫苗提取方法如下:

1) 设疫苗的形式为

$$v = \begin{bmatrix} *_{1l}, \dots, *_{ml}, \dots, *_{Ml} \\ *_{1h}, \dots, *_{mh}, \dots, *_{Mh} \end{bmatrix},$$

其中  $*_{ml}$  和  $*_{mh}$  分别表示第  $m$  个参数的上下界.

2) 求出种群中所有优良个体及其组成参数的共同取值范围,令其为初始疫苗,即

$$\begin{bmatrix} v_{1l}, \dots, v_{ml}, \dots, v_{Ml} \\ v_{1h}, \dots, v_{mh}, \dots, v_{Mh} \end{bmatrix}.$$

3) 对于每个参数(如第  $m$  个参数),分别计算符合其初始疫苗取值范围( $[v_{ml}, v_{mh}]$ ),但适应值大于  $a_k$  的所有个体,记为集合  $B_m$ .如果集合中的个体多于  $k/2$ ,则将疫苗的相应位置置为“\*”,表示对于该参数的选取并无有指导意义的信息.经上述计算后疫苗的形式为

$$v = \begin{bmatrix} v_{1l}, \dots, *, \dots, v_{Ml} \\ v_{1h}, \dots, *, \dots, v_{Mh} \end{bmatrix},$$

每个参数  $m$  都有一个对应的集合  $B_m$ .

4) 对于有指导意义信息的参数,求所对应的集合  $B_m$  的并集  $B = \bigcup_{m=1}^M B_m$  和交集  $B = \bigcap_{m=1}^M B_m$ ,其中

$m$  的选取应使相应的疫苗位置满足  $v_{ml} \leq *_{ml} \leq v_{mh}$ .

\*.如果  $B$  中个体数少于  $k/2$ ,则认为所提取的疫苗是有效的;否则,计算  $b_m = B_m - B$ ,其中  $m$  的取值同上.将  $B$  减去上述这些集合( $b_m$ )中最大的集合,并将疫苗中相应的位置置“\*”,重复上述步骤,直至  $B$  中个体数少于  $k/2$ .如果疫苗的所有参数位置都置“\*”,则认为未发现有效的疫苗.

### 2.2 疫苗的接种概率

接种概率的预先确定对于减少计算量很有意义,但原有一些算法对于疫苗接种概率的确定比较粗糙.有的只对接种概率的变化趋势作了大致的估计,事先人为地确定接种概率;有的只考虑了以前的接种效果对以后接种概率的影响.因此在得到较为正确的疫苗接种概率时,必将浪费大量的计算时间.实际上,经过多次试验发现,疫苗的有效性是随着种群的进化而变化的,原有的疫苗虽然在当时的进化环境中是有效的,但对于进化程度高的环境却不一定仍然有效.因此,旧疫苗的接种概率除了与原来的接种效果有关外,还应考虑当时种群与现在种群进化程度的差异性.对于新疫苗接种概率的确定,如果能充分利用以前学习的经验来预估它的效果,确定其接种概率,将会提高使用效率,大大减少计算量.

设新疫苗  $v = \begin{bmatrix} v_{1l}, \dots, v_{Ml} \\ v_{1h}, \dots, v_{Mh} \end{bmatrix}$ , 老疫苗  $v = \begin{bmatrix} v_{1l}, \dots, v_{Ml} \\ v_{1h}, \dots, v_{Mh} \end{bmatrix}$ . 接种概率( $P_v$ )由以下步骤确定:

1) 疫苗初始效果( $E_0$ ):在提取疫苗的种群中,基于符合疫苗所规定的取值范围的个体的分布情况进行估计,  $E_0 = g/\text{all}$ . 其中  $\text{all}$  是符合疫苗规定的取值范围的全部个体数,  $g$  为符合疫苗规定的取值范围且适应值小于  $a_k$  的个体数.

2) 在差分进化中,种群的平均适应值总是随着学习的进展而变好,因此进化代数与当前代数越近的种群跟当前群体的差异性越小.一般来说,当前疫

苗与较近的群体中所提取疫苗的差异性也比与较早的群体提取疫苗的差异性小,因此只考虑最近生成有效疫苗的群体与当前种群的近似度

$$d = 1 - \frac{|\bar{f}_{new} - \bar{f}_{old}|}{\max(|\bar{f}_{old}|, |\bar{f}_{new}|)} \quad (2)$$

其中  $\bar{f}_{new}$  和  $\bar{f}_{old}$  分别为新老种群的平均适应值.

3) 新老疫苗的近似度 ( $d$ ): 如果一个疫苗的第  $m$  个参数位置为“ \* ”, 则认为该疫苗在该参数的取值是许可的全部范围.

$$\frac{1}{M} \sum_{m=1}^M \frac{\max((\min(v_{mh}, v_{ml}) - \max(v_{ml}, v_{ml})), 0)}{\max(v_{mh} - v_{ml}, v_{ml} - v_{ml})} \quad (3)$$

4) 老疫苗的修正效果 ( $E$ )

$$E = (E_0 + \text{better/all\_vacc})/2 \quad (4)$$

其中 :all\_vacc 为接种的个体数, better 为接种后优于原个体的数量,  $E_0$  为老疫苗的初始效果.

5) 新疫苗的接种概率 ( $P_v$ )

$$P_v = ((1 - d) E_0 + d E) P_{v\_max} \quad (5)$$

其中 :  $P_{v\_max}$  为最大接种概率,  $E_0$  为新疫苗的初始效果.

### 2.3 超变异算子

在差分进化中,进化的目标更为明确,收敛速度较其他进化算法更快,但是当初始种群和变异算子选择不当时,会使种群的多样性快速降低,造成早熟现象.另外差分进化往往能很快搜索到最优点附近,但其后的搜索速度会大大降低<sup>[6]</sup>.为了保持种群的多样性,并使算法能在最优点附近集中搜索以提高后期搜索速度,设计了超变异算子.当检测到种群中出现最优个体的近亲过多时,即当

$$\frac{1}{N} \left( \frac{1}{M} \sum_{m=1}^M \frac{|a_{im} - a_{bm}|}{h_m - l_m} \right) < \tau$$

其中 :  $a_b$  为最优个体,  $a_{im}$  为第  $i$  个个体的第  $m$  个参数,  $\tau$  为确定的值;且当进化停滞时,即连续  $G$  代每代最优个体目标函数值没有改善.则按下式执行超变异操作:

$$\begin{cases} a_{im} = a_{bm} + N(0, \sigma), & m = 1, 2, \dots, M; \\ \sigma = (h_m - l_m)/2G^j, & j \in (0, 1). \end{cases} \quad (6)$$

其中 :  $G$  为进化代数,本文取  $j = 0.5$ .它在保留最优个体的同时,重新在最优个体周围按正态分布生成新个体,以替代原种群.超变异算子既能使算法在最优点附近集中搜索,又能保证种群的多样性.

### 2.4 算法描述

基于免疫原理的差分进化的基本步骤如下:

1) 随机生成初始化种群 ( $a_i^G, i = 1, 2, \dots, N, G$  初始时设为 0). 确定变异率  $F$ , 杂交率  $C_r$ , 最大进化

代数  $G_{max}$ . 提取疫苗, 预估疫苗的效果, 计算接种概率.

2) 进行变异操作和杂交操作, 以生成新个体.

3) 抽取一定数量的个体接种疫苗. 接种操作后, 适应值优于原个体的用新个体代替原个体, 否则保留原个体.

4) 将经上述操作生成的临时种群与上一代个体进行竞争, 生成新一代群体  $a_i^{G+1}, G = G + 1$ .

5) 在新种群中提取新疫苗, 并利用以前的相关信息确定新疫苗的接种概率.

6) 重复步骤 2) ~ 5), 直到求得最优解或  $G > G_{max}$ .

## 3 实验与分析

### 3.1 测试函数

$$\begin{aligned} \min f_1(x_1, x_2) &= \\ &- 1(0.5 + \frac{\sin(\sqrt{x_1^2 + x_2^2}) - 0.5}{[1.0 + 0.001(x_1^2 + x_2^2)]^2}), \\ \text{s.t.} &- 100 \leq x_1, x_2 \leq 100; \end{aligned} \quad (7)$$

$$\begin{aligned} \min f_2(x_1, x_2) &= \\ &(x_1^2 + x_2^2)^{1/4} (\sin^2(50(x_1^2 + x_2^2))^{0.1}) + 1, \\ \text{s.t.} &- 10 \leq x_1, x_2 \leq 10; \end{aligned} \quad (8)$$

$$\begin{aligned} \max f_3(x_1, x_2, \dots, x_{10}) &= \\ &1/(\frac{1}{10} \sum_{i=1}^{10} (x_i^4 - 16x_i^2 + 5x_i) + 79.333), \\ \text{s.t.} &- 10 < x_i < 100, i = 1, 2, \dots, 10; \end{aligned} \quad (9)$$

$$\begin{aligned} \min f_4(x_1, x_2) &= (x_1 - 10)^3 + (x_2 - 10)^3, \\ \text{s.t.} &g_1(x_1, x_2) = \\ &- (x_1 - 5)^2 - (x_2 - 5)^2 + 100 \leq 0, \\ &g_2(x_1, x_2) = \\ &(x_1 - 6)^2 + (x_2 - 5)^2 - 82.81 \leq 0, \\ &13 \leq x_1 \leq 100, 0 \leq x_2 \leq 100. \end{aligned} \quad (10)$$

$f_1$  是 Schaffer's F6, 为二维多峰函数, 有无数个局部最优点, 且与全局最优点(值为 - 0.997 544) 很接近.  $f_2$  是 Schaffer's F7, 为复杂二维多峰函数, 全局最小值为 0.  $f_3$  有  $2^{10} - 1$  个局部最优点, 一个全局最优点(值为 0.999 3).  $f_4$  的可行域相对于非可行域非常狭小, 没有限制时在非可行域上有一个全局最优点, 有限制时全局最优点(值为 - 6 961. 8) 非常接近可行域的边界.

### 3.2 结果与分析

分别用本文提出的免疫差分进化 (IDE) 和标准差分进化 (DE) 对每个函数使用相同的初始种群进行 30 次学习.  $G_{max} = 1 000$ , 种群规模为待优化的参数个数的 10 倍,  $F = 0.8, C_r = 0.5$ . 使用发现最优解时所评价目标函数的次数来评估算法的收敛速度

和计算量. 以  $f_1$  为例, 图 1 显示了两种算法的收敛速度. 可以看出 IDE 的收敛速度明显优于 DE.

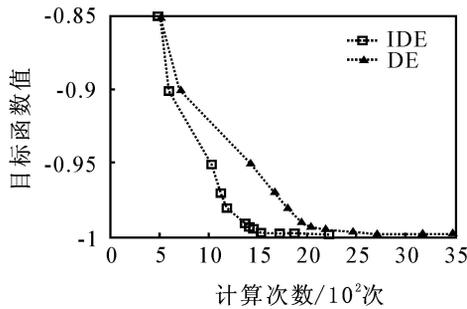


图 1 两种算法的收敛速度

表 1 IDE和DE性能指标比较

$f$	收敛到最优解的次数		平均评价目标函数的次数	
	IDE	DE	IDE	DE
$f_1$	30	30	2 213	3 482
$f_2$	29	30	10 711	13 262
$f_3$	30	30	21 568	31 022
$f_4$	29	26	161 766	167 521

表 1 比较了两种算法在 30 次学习中收敛到最优解的次数, 以及收敛到最优解时平均评价目标函数的次数. 与标准 DE 相比, IDE 找到最优解时所需的平均评价目标函数的次数少, 这表明 IDE 能节约大量的计算时间. IDE 收敛到最优解的次数略高于 DE, 说明它具有较强的全局寻优能力, 不易陷于局部最优点. 另外, 当变异率取值较大时 ( $F = 1$ ) 或种群较大时, IDE 收敛速度快的优势更加明显; 当变异率取值较小时 ( $F = 0.5$ ), 对于某些函数的优化问题, DE 全局寻优能力明显下降, 而 IDE 则下降不明显, 且收敛速度也只略有下降.

#### 4 结 语

为了提高差分进化的收敛速度, 本文将免疫的思想引入差分进化. 为了提高疫苗在复杂函数参数估计中的使用效率, 减少由于疫苗提取不准确所带来的计算量, 提出了基于优良个体分布区间来提取疫苗的方法. 对原来的接种概率的确定方法进行改进, 提出了充分利用以前的学习经验对新疫苗的有效性进行预估, 从而确定它的接种概率的方法. 疫苗的接种概率除了与以前的接种效果有关外, 还应考虑种群进化程度的变化所带来的影响. 实验证明新方法的收敛速度得到了显著的改善. 上述关于疫苗提取和接种的新方法, 稍加改进后可以引入其他的进化计算.

#### 参考文献 (References)

[1] 云庆夏. 进化算法[M]. 北京: 冶金工业出版社, 2000.  
(Yun Qing-xia. Evolution algorithm [M]. Beijing:

Metallurgical Industry Press, 2000.)

- [2] Storn R. Price KI minimizing the real functions of the ICEC '96 contest by differential evolution [C]. IEEE Conf on Evolutionary Computation. Nagoy, 1996: 842-844.
- [3] Lee M H, Han C, Chang K S. Dynamic optimization of a continuous polymer reactor using a modified differential evolution algorithm [J]. Industrial and Engineering Chemistry Research, 1999, 38(12): 4825-4831.
- [4] Chiou J P, Chang C F, Su C T. Ant direction hybrid differential evolution for solving large capacitor placement problems [J]. IEEE Trans on Power Systems, 2004, 19(4): 1794-1800.
- [5] Hendtlass T. A combined swarm differential evolution algorithm for optimization problems[C]. Engineering of Intelligent Systems: 14th Int Conf on Industrial and Engineering Applications of Artificial Intelligence and Expert Systems. Budapest, 2001: 11-18.
- [6] Kaelo P, Ali M M. A numerical study of some modified differential evolution algorithms [J]. European J of Operational Research, 2006, 169(3): 1176-1184.
- [7] Jiao L C, Wang L. A novel genetic algorithm based on immunity [J]. IEEE Trans on Systems, Man and Cybernetics: Part A, 2000, 30(5): 552-561.
- [8] 王磊, 潘进, 焦李成. 免疫算法[J]. 电子学报, 2000, 28(7): 74-78.  
(Wang Lei, Pan Jin, Jiao Li-cheng. The immune algorithm[J]. Acta Electronica Sinica, 2000, 28(7): 74-78.)
- [9] Gonzalez F, Dasgupta D. Anomaly detection using real-valued negative selection[J]. Genetic Programming and Evolvable Machines, 2003, 4(4): 383-403.
- [10] Karanikas C, Proios G. A nonlinear discrete transform for pattern recognition of discrete chaotic system[J]. Chaos, Solition and Fractals, 2003, 17(5): 195-201.
- [11] 段玉波, 任伟建, 霍凤时, 等. 一种新的免疫遗传算法及其应用[J]. 控制与决策, 2005, 20(10): 1185-1188.  
(Duan Yu-bo, Ren Wei-jian, Huo Feng-shi, et al. A kind of new immune genetic algorithm and its application[J]. Control and Decision, 20(10): 1185-1188.)
- [12] 王凌. 智能优化算法及其应用[M]. 北京: 清华大学出版社, 2001.  
(Wang Ling. Intelligent optimization algorithm and its applying [M]. Beijing: Tsinghua University Press, 2001.)