

自适应复制、交叉和突变的遗传算法¹

杨振强 王常虹 庄显义

(哈尔滨工业大学控制工程系 哈尔滨 150006)

摘 要 本文提出了一种自适应遗传算法。在运算过程中采用了对所遇个体进行具有选择性的复制、交叉、突变概率自适应方法,使适合度趋于一致的个体的繁殖能力减弱,交叉、突变概率增加,从而保证了群体的多样性和遗传算法的搜索能力。经遗传算法的测试函数验证,此算法效果很好。

关键词 遗传算法,多样性因子,优化,自适应

中图分类号 O224

1 引 言

遗传算法是由美国密歇根 (Michigan) 大学的心理学教授和电工和计算机科学教授 John H. Holland 于 70 年代初提出的,并且在 1975 年 Holland 的专著^[1]中予以介绍。遗传算法是建立在达尔文进化论的基础上的随机搜索算法,它模拟生物进化中的自然选择、突变等过程,为许多难以用传统的数学方法解决的复杂实际问题的优化提供了全新的思路。然而,遗传算法在解决多峰函数优化问题具有全局收敛性的同时,又存在一定概率的不稳定性。其主要原因之一是:在计算过程中发生有效基因缺失。复制操作是发生有效基因缺失的主要原因。有效基因缺失后,只有靠突变操作,才能解决,但突变的概率很小,恢复缺失的有效基因很困难。为解决上述问题 Srinivas 等提出了一种自适应交叉概率 p_c 和突变概率 p_m 的方法^[2]:当群体趋于局部最优或各个体的适合度趋于一致时,使 p_c 和 p_m 增加,当各个体的适合度比较分散时, p_c 和 p_m 随之下降,维持了群体的多样性,改善了搜索能力。本文提出了一种自适应复制、交叉、突变概率方法:复制概率 p_r 随个体的适合度上升而增加,交叉概率 p_c 、突变概率 p_m 随个体的适合度和整个群体的进化程度而改变,适合度高,则 p_c 、 p_m 趋于下降。当各个体的适合度有趋于一致的趋势时,对于在平均适合度附近的个体, p_c 、 p_m 将显著增加, p_r 下降。经测试,此算法效果良好。

2 遗传算法的基本原理

在遗传算法中用一串二进制数模拟染色体,一位或多位二进制数编码构成一个基因,每个基因决定个体的不同性能,所有基因的综合作用决定个体的优劣程度。用个体的适合度表示。遗传算法对各个个体进行评估,依据个体的适合度,决定此个体进行繁殖下一代的可能性。个体适合度较高的,繁殖下一代的可能性较大,反之,繁殖的可能性就较小。遗传算法中繁殖后代由交叉和突变组成。交叉是将所选择的两个个体的染色体进行重新组合。一般交叉的概率取为 0.5~0.9。交叉使遗传算法具有大范围的搜索能力。突变是指某一个体的一个或几个基因发生变异。突变概率一般取为 0.005~0.2。基因突变在优化计算中特别重要,它可使遗传算法具有全局搜索能力、维持群体的多样性,避免出现早熟收敛。

常规的遗传算法的求解过程如下:

(1) 初始化 以二进制编码的方式随机产生 N 个个体,组成初始群体。

¹ 1997-12-25 收到, 1999-04-05 定稿

(2) 评价 按所选定的评价函数, 计算每个个体的适合度, 并判断是否满足求解要求, 满足, 则转第 5 步。

(3) 复制、交叉、突变 以复制概率 p_r 按适合度从群体中选取 M 对个体; 对所复制的每对个体以一定的交叉概率 p_c 进行交叉操作, 随机地决定交叉位置; 以突变概率 p_m 对群体中的某些个体的某些位进行突变。

(4) 评价 计算每个个体的适合度, 判断是否满足求解要求, 满足, 则停止迭代, 否则转第 3 步。

(5) 结束寻优过程。

3 自适应复制、交叉、突变的遗传算法

遗传算法的一定概率不稳定性为: 在同样的计算参数条件下, 在某些次计算过程中, 遗传算法可能找到全局最优点, 而在另一些次计算过程中, 则可能陷入局部极值。这主要是由于复制造成有效基因丢失, 而突变概率一般较小, 恢复有效基因很困难。在遗传算法计算过程中, 复制操作使适合度好的个体数量增加, 适合度差的个体数量下降, 群体的适合度有逐渐趋于一致的现象, 使群体的多样性变差。这时群体易陷于一局部极值, 即早熟。分析如下:

对于比例复制, 在 N 个个体 X 中选择个体 X_i 、 X_j 的概率为

$$P\{T_r(X) = (X_i, X_j)\} = \frac{f(X_i)}{\sum_{X \in X} f(X)} \frac{f(X_j)}{\sum_{X \in X} f(X)}, \quad 1 \leq i \leq N, \quad 1 \leq j \leq N. \quad (1)$$

在一点交叉情况下 X_1, X_2 交叉产生个体 Y_1, Y_2 , 设 $|X_1 - X_2|$ 是个体 X_1 、 X_2 之间的汉明距离, 则交叉后为

$$P\{T_c[(X_1, X_2)] = (Y_1, Y_2)\} = \begin{cases} p_c \frac{\sum_{\substack{k \geq i \geq 1, |X_1 - X_2| \geq i \geq 1, \\ |X_1 - X_2| \geq i \geq |X_1 - X_2| + k - l}} C_k^i C_{l-k}^{i-1}}{C_l^{|X_1 - X_2|}}, & \text{当 } Y_1 \neq X_1, Y_2 \neq X_2; \\ 1 - p_c \frac{\sum_{\substack{k \geq i \geq 1, |X_1 - X_2| \geq i \geq 1, \\ |X_1 - X_2| \geq i \geq |X_1 - X_2| + k - l}} C_k^i C_{l-k}^{i-1}}{C_l^{|X_1 - X_2|}}, & \text{当 } Y_1 = X_1, Y_2 = X_2; \end{cases} \quad (2)$$

式中 k 是交叉点; l 是编码长度。

在独立地以概率 p_m 对某一个体的每一位进行突变操作情况下,

$$P\{T_m(X) = Y\} = p_m^{|X - Y|} (1 - p_m)^{l - |X - Y|}, \quad (3)$$

式中 $|X - Y|$ 是个体 X 、 Y 之间的汉明距离。

将 (1)、(2)、(3) 式合成

$$Y_i = T_m^i\{T_c^i[T_r^i(X)]\}, \quad i = 1, \dots, N, \quad k \geq 0, \quad (4)$$

所以

$$\prod_{i=1}^N P\{T_m^i[T_c^i(T_r^i(X))] = Y_i\} > 0, \quad p_m > 0 \quad (5)$$

为典型遗传算法的马尔科夫链, 适合于本文算法。

由 (1)、(2)、(3) 式可以看出, 当出现早熟时, 群体的多样性下降, 群体集中于某一局部极值点, 因此, 按 (1) 式复制出的个体在这一局部极值点附近的概率很大, 使复制出的个体 X_1 、 X_2 之间的汉明距离 $|X_1 - X_2|$ 很小甚至为零, 复制使个体的多样性进一步下降。由 (2) 式可知个体之间的汉明距离 $|X_1 - X_2|$ 很小甚至为零时, 经交叉操作后产生的新个体的概率下降, 甚至为零, 交叉效率很低。这时只能靠突变来产生不同的个体, 但一般情况下突变很小, 而且在群体集中于某一局部极值点时, 经突变后的个体的适合度高于此局部极值点个体的适合度的概率很小, 往往因复制不上而被淘汰, 即使突变后的个体的适合度高于此局部极值点个体的适合度, 也由于这种个体的数量很少 (一般只有一到两个) 和复制的偶然性, 被淘汰的概率较大。

因此, 群体的多样性差是造成遗传算法不稳定和早熟的原因, 应在群体多样性变差之前, 采取相应的措施, 维持群体的多样性。本文在常规遗传算法的基础上, 以群体的多样性为控制量, 提出了一种自适应复制、交叉、突变概率方法。

定义 多样性因子 表示遗传算法在计算过程中群体多样性的一个数值。用下式表示:

$$s = k_k(f_{\max} - f_{av})/f_{av}, \quad (6)$$

式中 f_{\max} 为群体中最优个体的适合度; f_{av} 为群体中适合度较好的前 50% 个个体的平均适合度; k_k 为系数, 应根据具体的问题选取, 一般在 3~6 之间。多样性因子越大, 表示群体的多样性越好, 反之, 则越差。多样性因子对于遗传算法的性能影响很大, 因此其系数 k_k 的选择很重要。 k_k 选得小, 则不利于适合度高的个体的繁殖, 使收敛速度减慢; k_k 选得大, 则群体的多样性差。

基于以上多样性的定义, 受二阶系统振荡环节和微分环节的启发, 将多样性因子比作阻尼比, 本文将自适应复制、交叉和突变概率的方法用表达式表示如下:

$$\text{复制概率 } p_r = k_{r1}(1 - 1/\sqrt{((f_{av} - f_k)/f_{av})^2 + (sf_k/f_{av})^2}) + k_{r2}f_k/f_{av}. \quad (7)$$

$$\text{交叉概率 } p_c = k_{c1}/\sqrt{((f_{av} - f_k)/f_{av})^2 + (sf_k/f_{av})^2} + k_{c2}(1.2 - f_k/f_{av}) \quad (8)$$

$$\text{突变概率 } p_m = k_{m1}/\sqrt{((f_{av} - f_k)/f_{av})^2 + (sf_k/f_{av})^2} + k_{m2}(1 - f_k/f_{av}). \quad (9)$$

式中 f_k 是计算时所遇个体的适合度; k_{r1} 、 k_{r2} 是复制系数; k_{c1} 、 k_{c2} 是交叉系数; k_{m1} 、 k_{m2} 是突变系数。

在 (7)、(8)、(9) 式中, 等式右端第一项为带多样性因子的调整项。当多样性因子较大时, 通过选取系数 k_{r1} 、 k_{c1} 和 k_{m1} , 使此项基本上为一小常数。当多样性因子较小和 f_k 接近 f_{av} 时, (7) 式的第一项下降, (8)、(9) 式的第一项上升, 使复制概率下降、交叉、突变概率上升。当多样性因子较小和 f_k 与 f_{av} 相差较大时, 此项仍为一小常数。等式右端第二项为常规的遗传算法的复制、交叉、突变概率, 系数 k_{r2} 、 k_{c2} 和 k_{m2} 的选取应使此项与常规遗传算法的复制、交叉、突变概率接近。其中的 (8)、(9) 两式中加入了随适合度变化的自适应项。在多样性因子较大时, (7)、(8)、(9) 式的第二项起主要作用。

图 1、图 2、图 3 表示多样性因子与复制概率、交叉概率和突变概率的关系。由图可见: 当群体的多样性较差时, 接近于 f_{av} 的个体被选中的概率显著下降, 而交叉和突变的概率显著上升, 其它个体基本不受影响。这使得复制、交叉和突变具有了选择性和自适应性, 由于复制操作的这种选择性, 使在局部极值点附近的个体被复制的概率下降, 相应地新产生的远离 f_{av} 的个体被复制的概率增加, 减少了复制操作造成的有效基因缺失的情况, 使群体的多样性得到了保证, 交叉和突变概率的增加, 使产生新个体的概率上升、交叉效率提高, 提高了搜索能力。

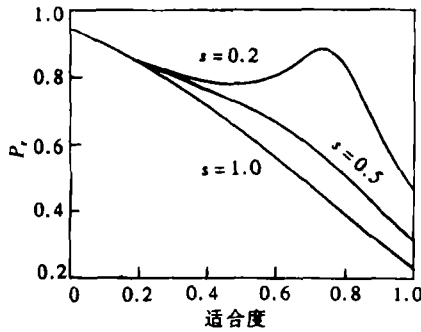


图 1 多样性因子对复制概率的影响

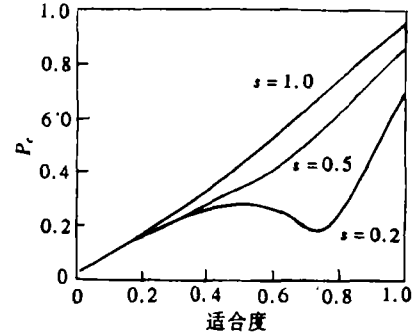


图 2 多样性因子对交叉概率的影响

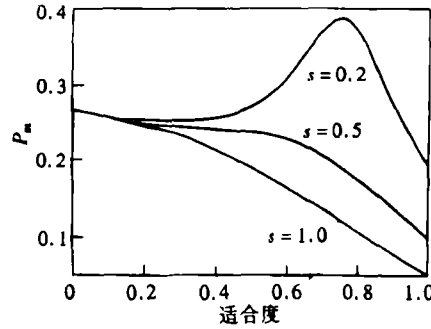


图 3 多样性因子对突变概率的影响

下面依据模式定理对上述算法进行分析。

由模式定理:

$$m(H, t+1) = m(H, t)p_r(1 - p_c\delta(H)/(l-1) - o(H)p_m), \quad (10)$$

式中 $m(H, t)$ 是第 t 代的模式 H 的数量; f_H 是对应于模式 H 的串的平均适合度。 l 是串的长度; $\delta(H)$ 是模式 H 的长度。 $o(H)$ 是模式 H 的次数。

将 (7)、(8)、(9) 式代入 (10) 式, 经整理得:

$$m(H, t+1) \geq m(H, t)(k_{r1}(1 - T(s)) + k_{r2}f_k/f_{av})[1 - k_{c2}(1.2 - f_k/f_{av}) \times \delta(H)/(l-1) - k_{m2}(1 - f_k/f_{av})o(H) - k_{c1}T(s)\delta(H)/(l-1) - k_{m1}T(s)o(H)], \quad (11)$$

式中 $T(s) = 1/\sqrt{((f_{av} - f_k)/f_{av})^2 + (sf_k/f_{av})^2}$ 。

在 (11) 式中, $k_{c1}T(s)\delta(H)/(l-1)$ 和 $k_{m1}T(s)o(H)$ 两项可以选择 k_{c1} 、 k_{m1} , 使得它们在多样性因子较大时, 对交叉、突变概率的影响较小, 即 $k_{c1}T(s)\delta(H)/(l-1)$ 和 $k_{m1}T(s)o(H)$ 两项与 $k_{c2}(1.2 - f_k/f_{av})\delta(H)/(l-1)$ 、 $k_{m2}(1 - f_k/f_{av})o(H)$ 两项相比较小, 使在多样性因子较大时 $k_{c2}(1.2 - f_k/f_{av})\delta(H)/(l-1)$ 、 $k_{m2}(1 - f_k/f_{av})o(H)$ 两项起主要作用。当某个个体的适合度 f_k 越高, 这一个体中的模式被破坏的可能性越小。从 (7)、(8)、(9) 式可知, 个体的适合度越高, 它的复制概率越大, 交叉、突变概率越小。而当出现早熟时, 群体集中于某一局部极值点附近, 多样性因子逐渐减小, 使适合度在平均适合度附近的个体的模式被复制的概率下

降, (11) 式的最后两项增大, 使适合度在平均适合度附近的个体的模式被破坏的概率增大, 产生和保留新的模式的概率相应增加, 从而维持群体的多样性、避免早熟, 保持遗传算法的搜索能力。如前所述, 当出现早熟时, 群体集中于某一局部极值点附近。由于按适合度比例复制, 由 (1) 式可知, 所选的个体 X_i 、 X_j 之间的汉明距离往往很小, 由 (2) 式, 这使得交叉后产生新个体的概率很小, 由此可知复制是早熟收敛的根本原因。由 (5) 式知, 产生新个体主要靠突变。因此, 当群体的多样性下降时, 应使在局部极值点附近的个体被复制的概率下降, 同时对在局部极值点附近的个体采取加大交叉、突变概率的方法以产生新的模式, 而不破坏其它个体中的模式。本文所提方法可以达到这些要求, 能有效地防止早熟收敛的发生。因此, 自适应复制、交叉和突变概率的遗传算法性能显然优于复制、交叉和突变概率为常数的遗传算法。

从以上分析可知, 本文提出的自适应遗传算法, 可以维持群体的多样性, 有效地防止遗传算法的早熟现象, 使遗传算法具有比较稳定的搜索能力。

4 实例验证

采用常用的遗传算法测试函数 F_5 、 F_6 、 F_7 。

DeJong's F_5 (Shekel's Foxholes) 函数:

$$f_5(x_i) = 0.002 + \sum_{j=1}^{25} \frac{1}{j + \sum_{i=1}^2 (x_i - a_{ij})^6}, \quad (12)$$

$$[a_{ij}] = \begin{bmatrix} -32 & -16 & 0 & 16 & 32 & -32 & -16 & \cdots & 0 & 16 & 32 \\ -32 & -32 & -32 & -32 & -32 & -16 & -16 & \cdots & 32 & 32 & 32 \end{bmatrix},$$

$$-65536 < x_i < 65536,$$

此函数有 25 个极值点, 其中只有一个全局最大点为 1.002000154839。一般函数值大于 1 可认为收敛。

Schaffer's F_6 函数:

$$f_6(x, y) = 0.5 - (\sin^2 \sqrt{x^2 + y^2} - 0.5) / (1.0 + 0.001(x^2 + y^2))^2, \quad (13)$$

其中 $-100 < x, y < 100$ 。此函数有无数个局部极值点, 其中只有 (0, 0) 一个全局最大点, 最大值为 1。

F_7 函数:

$$f_7(x_1, x_2) = (x_1^2 + x_2^2)^{0.25} [\sin^2(50(x_1^2 + x_2^2)^{0.1}) + 1.0], \quad (14)$$

此函数有无数个局部极值点, 其中只有 (0, 0) 一个全局最小点, 最小值为 0。

为使问题具有可比性, 本文采用与文献 [2] 相同的条件测试这一方法。个体数为 100, 每个函数测试 30 次。表 1 为各系数的取值, 测试结果如表 2。

由表 2 可见, 本文方法得到了满意的结果。

表 1 各系数的取值

测试函数	多样性因子系数	复制系数		交叉系数		突变系数	
	k_k	k_{r1}	k_{r2}	k_{c1}	k_{c2}	k_{m1}	k_{m2}
F_5	4.0	0.15	0.90	0.10	0.75	0.05	0.20
F_6	4.8	0.15	0.90	0.12	0.75	0.06	0.25
F_7	4.0	0.15	0.90	0.10	0.70	0.05	0.20

表 2 本文方法与其它方法的比较

函数	编码长度	代 数			陷入局部极小次数			最大代数
		SGA	文献 [2] 方法	本文方法	SGA	文献 [2] 方法	本文方法	
F_5	34	64.06	36.63	34.3	7	0	0	100
F_6	44	173.9	106.56	126.5	23	6	2	200
F_7	44	419.9	220.61	167.8	21	5	2	500

5 结 论

本文在遗传算法的复制、交叉和突变的操作中, 采用了对于所遇个体具有选择性的复制、交叉和突变概率自适应方法。在群体的适合度趋于一致时, 接近于适合度平均值的个体, 复制下一代的概率变小, 交叉概率和突变概率上升。而远离适合度平均值的个体基本不受影响。这就既保证了群体的多样性, 又提高了搜索能力。遗传算法的测试函数验证了本文方法的有效性。

参 考 文 献

- [1] Holland J H. Adaptation in Nature and Artificial Systems. Michigan: The University of Michigan Press, 1975.
- [2] Srinivas M, Patnaik L M. Adaptive probabilities of crossover and mutation in genetic algorithms. IEEE Trans. on SMC, 1994, SMC-24(4): 656-667.
- [3] 丁承民, 张传生, 刘辉. 遗传算法纵横谈. 信息与控制, 1997, 26(1): 40-47.

ADAPTIVE PROBABILITIES OF SELECTION, CROSSOVER AND MUTATION IN GENETIC ALGORITHMS

Yang Zhenqiang Wang Changhong Zhuang Xianyi

(Harbin Institute of Technology, Haerbin 150006)

Abstract In this paper an adaptive genetic algorithms is presented. The adaptive method of probabilities of reproduction, crossover, and mutation which have selectivity about the operated solutions is adopted in the course of calculation. It makes the reproduction probability of the solution which has the similar fitness decrease, the probabilities of crossover and mutation increase, hence it maintains the diversity in the population and sustains the search capacity of the genetic algorithms. The method is tested by the genetic algorithm testing functions. The results are excellent.

Key words Genetic algorithms, Diversity factor, Optimization, Adaptive

杨振强: 男, 1963 年生, 硕士, 博士生, 研究领域为模糊控制、神经网络等。

王常虹: 男, 1961 年生, 博士, 教授, 多年来一直从事神经网络和智能控制的研究。

庄显义: 男, 1935 年生, 教授, 博士生导师, 长期从事控制理论和伺服技术的教学和科研工作。