

一种维持种群多样性的遗传算法变异算子的研究

刘智明 周激流 陈莉 陈玮

(四川大学 电子信息学院, 四川 成都 610064)

摘要: 本文针对二进制编码遗传算法中, 由于传统变异算子随机地选取基因位置而对搜索全局最优的不利影响, 分析了变异位置对种群多样性的影响, 提出了一种新的维持种群多样性的变异算子, 其变异概率和变异位置由种群基因位的多样度和个体适应度值自适应决定。经变异后优秀的个体得以保存, 且在种群中每一基因座上两种基因的比例控制在期望的范围内。本文最后用实验验证了该算子维持种群多样性的有效性。

关键词: 遗传算法; 变异算子; 多样性

中图分类号: TP18

文献标识码: A

文章编号: 1000-1220(2003)05-0902-03

A Novel Genetic Mutation Operator for Maintaining Diversity

LIU Zhi-ming, ZHOU Ji-liu, CHEN Li, CHEN Wei

(College of Electronics and Information, Sichuan University, Chengdu 610064, China)

Abstract: In genetic algorithm with binary coding, the traditional mutation operator selects gene positions randomly, which deteriorates the ability of maintaining the diversity of population. In this paper, the impact of mutation positions upon the population diversity is analyzed. Then a new mutation operator is proposed. The new operator aims at resolving the problem of quick decline of the diversity in traditional genetic algorithm. The mutation probability and positions are determined adaptively by population diversity and individual fitness. Good individuals are protected and the ratios of two kinds of genes on every locus are controlled in expected range. Experiments are made to verify the efficiency of our new mutation operator. The genetic algorithm with new mutation operator can effectively maintain the diversity of population and can escape from local optima.

Key words: genetic algorithm; mutation operator; diversity

1 引言

遗传算法(Genetic Algorithm)^[1]是一种以 Darwin 的自然进化论和 Mendel 的遗传变异理论为基础具有较强鲁棒性的全局随机搜索优化计算技术。这种鲁棒性来源于它具有在多峰函数中寻得全局最优值的能力, 而多峰函数广泛存在于实际工程问题中, 如: 神经网络结构设计和权值训练、模式识别、机器学习、模糊逻辑控制器的设计、系统辨识等。

在遗传算法中交叉算子因其具有较强的搜索能力而成为主要的遗传算子, 它的搜索能力正比于当前种群的多样性^[2]。变异算子一向被视为辅助算子, 但也有文献^[3]认为变异算子能够成为一个重要的遗传算子。它既可产生种群中没有的较优基因, 也可恢复被遗失的基因, 以维持种群的多样性。

2 传统变异算子的缺陷及改进

2.1 传统变异算子的缺陷

在二进制编码遗传算法中, 传统的变异算子是对个体中

每一位基因赋予相同变异概率进行翻转, 这等同于在个体中随机地确定基因位进行变异, 这不可避免得存在着弊端。比如对个体 10101101 进行变异, 假设基因位第 7 位在当前种群的相似度比较大, 即种群中在第 7 位基因上含“0”的个体较多, 或者含“1”的个体较多。从维持种群多样性考虑我们希望第 7 位变异的概率较大。在传统的变异算子中第 7 位基因发生变异的概率为 P_m/l (一点变异, l 是编码长度), 即使这种概率发生也可能使种群中在该位数量较少的基因被变异, 因此传统变异算子的缺陷就是缺少方向性。

2.2 新变异算子

设 $X = (X_1, \dots, X_N) \in S^N$ 为当前种群, 用矩阵表示即

$$X = [X_1 | X_2 | \dots | X_N] = \begin{bmatrix} x_{11} & x_{12} & \dots & x_{1l} \\ x_{21} & x_{22} & \dots & x_{2l} \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ x_{N1} & x_{N2} & \dots & x_{Nl} \end{bmatrix}_{N \times l}$$

用 $\beta(x_k) = \sum_{i=1}^N x_{ik} (1 \leq k \leq l)$ 表示种群中基因坐 k 上基因的和, 称作第 x_k 位基因坐的多样性。选择阈值 θ_0, θ_1 (在我们

收稿日期: 2001-07-18 基金项目: 国家自然科学基金(6027095)资助。 作者简介: 刘智明, 硕士, 助教, 研究领域为遗传算法, 人脸检测与识别。周激流, 教授, 博士生导师, 研究领域为模式识别与人工智能, 图象图形处理等。

转载

的应用中取 $\theta_0 = N/4, \theta_1 = 3N/4$, 当 $\beta(x_k) \geq \theta_1$ 或 $\beta(x_k) \leq \theta_0$, 即在某位或某几位基因坐含“1”或“0”的基因个数较多时, 对相应基因变异. 具体操作是: 若 $\beta(x_k) \geq \theta_1$, 相应基因坐上的基因与“0”进行与操作; 若 $\beta(x_k) \leq \theta_0$, 相应基因与“1”进行或操作; 若 $\theta_0 < \beta(x_k) < \theta_1$, 则不进行变异.

下面给出新变异概率的推导过程. 设种群规模为 N , 则 N 可表达为基因坐 k 上“1”和“0”的基因个数之和, 即 $N = \beta(x_k) + N - \beta(x_k)$. 记变异算子为 T_m , 设 $P_{m(k)} (1 \leq k \leq l)$ 是基因坐 k 的变异概率, 那么变异后种群基因坐 k 上“1”或“0”基因的数目 n 可表示为

$$n = T_m(\beta(x_k), N - \beta(x_k), P_{m(k)}) \quad (1)$$

有两种情况, 当 $\beta(x_k) \leq \theta_0$, 由前面提出的变异过程, 则(1)为

$$n = \beta(x_k) + (N - \beta(x_k)) \cdot P_{m(k)}$$

新变异算子的目的是维持种群的多样性, 使种群中各个基因坐“1”和“0”基因的比例大致相等, 有

$$\beta(x_k) + [N - \beta(x_k)] \cdot P_{m(k)} = N/2$$

则有

$$P_{m(k)} = 1/2 \cdot [1 - \beta(x_k)/(N - \beta(x_k))] \quad (2)$$

同理, 当 $\beta(x_k) \geq \theta_1$, 则由(1)得

$$N - \beta(x_k) + \beta(x_k) \cdot P_{m(k)} = N/2$$

则有

$$P_{m(k)} = 1 - N/(2 \cdot \beta(x_k)) \quad (3)$$

新变异算子另一个目的是保护适应度高的个体免受破坏. 因此我们考虑个体的适应度值, 按适应度值大小把个体排序, 并用 $j = (1, 2, \dots, N)$ 对个体从大到小进行编号, 那么种群中第 j 个个体的第 k 位基因变异概率 $P_{m(k)}$ 则为

$$P_{m(k)} = \begin{cases} \left(\frac{j}{N/2}\right)^2 \cdot P_{m(k)}, & \text{如果 } j \leq N/2 \\ P_{m(k)}, & \text{如果 } j > N/2 \end{cases} \quad (4)$$

式(4)中 $P_{m(k)}$ 的值按 $\beta(x_k)$ 的值由式(2)或(3)进行计算. 按式(4)中的变异概率变异后, 种群中基因“1”与“0”基因的比例在每一基因座上维持在 $[1/3, 1]$ 内.

维持种群多样性的变异的思想是: 由种群各基因坐的多样性决定哪些基因坐需要变异, 再由该基因坐“1”和“0”基因的数目和个体适应度值的排序值自适应地调节该位的变异概率. 变异概率的范围为 $[0, 0.5]$, 好的个体得以保存, 坏的个体被变异, 并使种群每一基因坐上每种基因的比例维持在期望范围 $[1/3, 1]$ 内.

3 新变异算子性能分析

3.1 算法流程

GAs 不成熟收敛的一个主要原因是种群有效基因^[42]的缺失, 选择操作是有效基因的缺失的主要原因. 因为如果问题的非线性较强, 则当前最优解是局部最优, 从而选择较多的此类基因, 就造成了有效基因缺失. 因此我们希望在选择操作完成后通过变异算子能恢复有效基因, 即维持种群的多样性. 我们提出一种新的遗传算法 DSGA (diversity-sus-

taining GA). 该算法在选择操作后, 就进行改进的变异操作, 再进行交叉操作, 其目的是维持种群的多样性, 充分发挥交叉算子搜索能力强的核心作用.

3.2 实验结果与分析

在这部分我们用函数优化来分析新变异算子维持种群多样性的性能及摆脱局部极值的能力. 实验中采用 F_6 函数.

$$f_6(x, y) = 0.5 - \frac{\sin^2 \sqrt{x^2 + y^2} - 0.5}{[1 + 0.001(x^2 + y^2)]^2}$$

该函数有无数个局部极大点, 其中只有在 $(0, 0)$ 为全局最大值 1, 在它的周围有若干峰值逐渐变化的圈脊, 其中靠近全局最优的取值均为 0.990283, 因此很容易停滞在此局部极大点.

实验的参数有: 串长 $L = 32$, 群体规模 $N = 100$, 算法运行最大代数 200 代. 表 1 列出了 DSGA 实验结果 (100 次实验结果的平均值), 以及与 SGA, AGA^[5] 的比较结果.

表 1 三种遗传算法性能比较

Table 1 Comparison of the performance of three algorithms

算法	平均收敛代数	收敛次数
DSGA	53	90
AGA	82	65
SGA	147	21

表 1 可以看出, 在综合衡量全局收敛性和收敛速度指标上, DSGA 的性能优于 AGA 和 SGA. 为了定量考察遗传算法多样性的维持性能, 我们采用文献[6]定义的多样性值 Φ :

$$\Phi = \frac{2 \cdot \sum_{i=1}^N \sum_{j=i+1}^N H_{ij}}{N(N-1)L}$$

其中 H_{ij} 是个体 i 和个体 j 间的海明距离. Φ 表明了两个不同个体中某一基因坐上取不同值的概率. 图 1 表明了种群多样性随代数变化的曲线. 在初始群体中每一基因坐上基因“1”和“0”产生的概率相同, 因此 $\Phi = 0.5$.

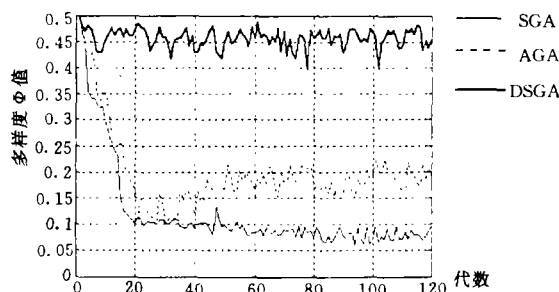


图 1 DSGA, AGA 和 SGA 的多样性值比较

Fig. 1 Diversity distribution of three algorithms

从图 1 中可以看出, SGA 的多样性衰减的相当显著, 20 代以后 90% 的基因相同 ($\Phi = 0.1$); AGA 维持多样性的能力

较 SGA 要强些, 多样度平均为 $\Phi=0.19$ 左右; 而 DSGA 维持多样性的能力非常强, 随着进化的进行 Φ 始终在 (0.4, 0.48) 之间变化, 平均多样度 $\Phi=0.45$.

4 结 论

种群的多样性是遗传算法进化的前提. 传统的遗传算法由于变异点选择的无指导性以及变异的无方向性从而不能有效地维持种群的多样性. 本文提出了一种新的自适应变异算子, 该算子能非常有效地维持群体的多样性, 并在优化非线性函数时体现出较强的摆脱局部最优的能力. 而 NP 完全问题广泛存在于工程应用中, 例如神经网络的拓扑结构设计和权值学习, 我们将在这方面作进一步的研究.

Reference:

- 1 Holland J H. Adaptation in natural and artificial system[M]. Ann Arbor: Michigan Univ. Press, 1975
- 2 Xu Zong-ben, Gao Yong. Precaution and analysis on characteristic of genetic algorithm[J]. Science in China (Series E), 1996, 26(4): 364~375.
- 3 Muehlenbein H. How genetic algorithms really work 1: mutation and hill climbing[C]. In Proc. 2nd Workshop Parallel Problem Solving from Nature, 1992, 15~25.
- 4 Yun Wei-min, Xi Yu-geng. The analysis on running mechanism of genetic algorithm[J]. Control Theory and Applications, 1996, 13(3): 297~304
- 5 Srinivas M, Patnaik L M. Adaptive probabilities of crossover and mutation in genetic algorithm[J]. IEEE Trans. Sys. Man and Cybern, 1994, 24(4): 656~667.
- 6 Zhang Jun, Liu Ke-sheng, Wang Xu-fa. Immune modulated symbiotic evolution in neural network design[J]. Journal of Computer Research & Development, 2000, 37(8): 924~930

附中文参考文献:

- 2 徐宗本, 高 勇. 遗传算法过早收敛现象的特征分析及其预防[J]. 中国科学(E 辑), 1996, 26(4): 364~375.
- 4 恽为民, 席裕庚. 遗传算法的运行机理分析[J]. 控制理论与应用, 1996, 13(3): 297~304
- 6 张 军, 刘克胜, 王煦法. 一种基于免疫调节和共生进化的神经网络优化设计方法[J]. 计算机研究与发展, 2000, 37(8): 924~930