

计算机科学与探索

Journal of Frontiers of Computer Science and Technology ISSN 1673-9418,CN 11-5602/TP

《计算机科学与探索》网络首发论文

题目: 最优权动态控制学习机制的多种群遗传算法

作者: 潘家文,钱谦,伏云发,冯勇

网络首发日期: 2020-09-27

引用格式: 潘家文,钱谦,伏云发,冯勇.最优权动态控制学习机制的多种群遗传算法.计

算机科学与探索.

https://kns.cnki.net/kcms/detail/11.5602.TP.20200927.1428.004.html





网络首发: 在编辑部工作流程中,稿件从录用到出版要经历录用定稿、排版定稿、整期汇编定稿等阶段。录用定稿指内容已经确定,且通过同行评议、主编终审同意刊用的稿件。排版定稿指录用定稿按照期刊特定版式(包括网络呈现版式)排版后的稿件,可暂不确定出版年、卷、期和页码。整期汇编定稿指出版年、卷、期、页码均已确定的印刷或数字出版的整期汇编稿件。录用定稿网络首发稿件内容必须符合《出版管理条例》和《期刊出版管理规定》的有关规定;学术研究成果具有创新性、科学性和先进性,符合编辑部对刊文的录用要求,不存在学术不端行为及其他侵权行为;稿件内容应基本符合国家有关书刊编辑、出版的技术标准,正确使用和统一规范语言文字、符号、数字、外文字母、法定计量单位及地图标注等。为确保录用定稿网络首发的严肃性,录用定稿一经发布,不得修改论文题目、作者、机构名称和学术内容,只可基于编辑规范进行少量文字的修改。

出版确认:纸质期刊编辑部通过与《中国学术期刊(光盘版)》电子杂志社有限公司签约,在《中国学术期刊(网络版)》出版传播平台上创办与纸质期刊内容一致的网络版,以单篇或整期出版形式,在印刷出版之前刊发论文的录用定稿、排版定稿、整期汇编定稿。因为《中国学术期刊(网络版)》是国家新闻出版广电总局批准的网络连续型出版物(ISSN 2096-4188,CN 11-6037/Z),所以签约期刊的网络版上网络首发论文视为正式出版。

网络首发时间:2020-09-27 16:02:21

网络首发地址: https://kns.cnki.net/kcms/detail/11.5602.TP.20200927.1428.004.html

计算机科学与探索

Journal of Frontiers of Computer Science and Technology

doi: 10.3778/j.issn.1673-9418.2008044

最优权动态控制学习机制的多种群遗传算法

潘家文 1,2, 钱 谦 1,2+, 伏云发 1, 冯 勇 1,2

- 1.昆明理工大学 信息工程与自动化学院, 昆明 650500
- 2.昆明理工大学 云南省计算机技术应用重点实验室, 昆明 650500
- + 通信作者 E-mail: Qianqian_yn@126.com

摘 要: 遗传算法(GA)的全局搜索能力强,易于操作,但收敛速度慢、易陷入局部极值。为克服上述缺陷,本文首先对算法初始化方法进行改进,采用海明距离作为聚类划分的相似性度量提出了一种均匀分区多种群初始化方法,该方法以相似性度量为准则划分出不同集合的聚类中心点,然后以偏好随机的方式产生多个不同的种群,避免算法因种群初始个体在解空间分布不够均匀而陷入局部收敛。其次在遗传算法中引入多种群并行机制和学习机制来提高算法的性能,通过对已有研究中两种机制在遗传算法中的作用进行分析,指出各自的优势和不足,分别对两种机制进行改进,提出改进的多种群并行机制与最优权动态控制的学习机制,并从理论角度探讨了改进的两种机制的合理性。最后,将两种机制有机结合起来,充分发挥两种机制的优点,抑制各自的不足之处。仿真实验结果表明,算法中经过改进的两种机制具有良好的沟通能力,结合新的初始化方法,使得算法在收敛速度和精度上都要优于其他几种已有的改进算法。

关键词:遗传算法;最优权;多种群并行机制;学习机制

文献标志码: A 中图分类号: TP391

潘家文,钱谦,伏云发,等. 最优权动态控制学习机制的多种群遗传算法[J]. 计算机科学与探索

PAN J W, QIAN Q, FU Y F, et al. Multi-population Genetic Algorithm Based on Optimal Weight Dynamic Control Learning Mechanism[J]. Journal of Frontiers of Computer Science and Technology

*The National Natural Science Foundation of China under Grant Nos. 81470084, 61463024 (国家自然科学基金).

Multi-population Genetic Algorithm Based on Optimal Weight Dynamic Control Learning Mechanism

PAN Jiawen^{1,2}, QIAN Qian^{1,2+}, FU Yunfa¹, FENG Yong^{1,2}

- 1.Faculty of Information Engineering and Automation, Kunming University of Science and Technology, Kunming 650500, China
- 2. Yunnan Key Laboratory of Computer Technology Applications ,Kunming University of Science and Technology, Kunming 650500, China

Abstract: Traditional genetic algorithm has some disadvantages, such as slow convergence, unstable, and easy to fall into local extreme. In order to overcome these disadvantages, an improved genetic algorithm is proposed in the present study. First, instead of the random initialization method, a uniform partition multi-population initialization method is used to get the initial populations. This new method can make the initial solutions disperse in the solution space as much as possible, thus avoiding the problem of local extremes. Second, the ideas of multi-population parallel mechanism and learning mechanism are introduced in the present algorithm. Based on the analysis of advantages and disadvantages of the two mechanisms in literature, new improvements are made to these two mechanisms. Specifically, for multi-population parallel mechanism, each population will be replicated and assigned with different exploration strategy, and information will be exchanged between different populations after several

generations; for learning mechanism, gene patterns from which other individuals can learn will be extracted from the excellent individuals of the population, and a new local search method is also used during the learning process. At last, the above mentioned two mechanisms and the new initialization method are combined. Simulation results show that the new algorithm increases the convergence speed and accuracy of the genetic algorithm.

Key words: Genetic Algorithm; Optimal weight; multi-population parallel mechanism; learning mechanism

1 引言

遗传算法(Genetic Algorithm, GA)[1]是 20世纪 70 年代初期由美国 Michigan 大学 Holland 提出来的借鉴生物界自然选择思想和自然遗传机制的一种全局随机搜索算法。它把问题的可能解看作个体,多个个体组成种群,算法运行时按照一定的进化策略使个体所代表的可能解不断进化,直到产生最优或近似最优解。该算法的优越性主要表现在:(1)使用时所需领域知识少,且优化过程不依赖于梯度信息,不要求目标函数的连续或可导。(2)求解复杂函数时,只需要选择、交叉、变异三种操作就能获得最优解。(3)能够同时搜索多个点,具有较好的并行寻优能力。目前 GA 已广泛应用于机器学习,控制,优化等领域[2-4]。

传统遗传算法(Standard GA, 简称 SGA)存在 着"早熟"收敛和收敛速度慢等缺陷。目前已经提 出了许多解决这一问题的方法,如引入并行机制[5]、 学习机制[6]等,这些方法都取得了较好的效果。群体 的多样性不足会使种群的搜索范围被限制,导致 GA 易陷入"早熟"收敛,因此需要保证算法在计算过程 中的种群多样性不能过快丧失。目前对种群初始化 的研究较少, 己有的 GA 研究多数采用随机初始化 方法产生种群,随机初始化方法会产生多样性差, 染色体分布不均匀的种群[7]。文献[8]提出半初始化 方法,该方法虽然丰富了种群多样性,但也增加了 计算复杂度,还影响了种群的稳定性。文献[9]通过 海明距离作为标准约束个体来产生初始种群,但该 方法由于随机样本的影响仍会产生多样性较差的 种群。引入并行机制是提高遗传算法性能的一个重 要方向[10],通过对不同种群配置不同的进化策略能 够有效的控制子种群的独立演化特性,同时还通过 种群间的个体迁移来保证子种群间的融合,以此提 升了算法的性能。郑明等⑤将改进的多种群并行遗 传算法用于基因调控网络的构建。Zhou Yu[11]将改 进的多种群并行遗传算法用于列车组调度优化问 题。但是上述方法仍存在一些问题,算法中的单个 种群采用了具有固定数值的 P_c 和 P_m 的进化策略, 在搜索空间的勘探和开采上出现了矛盾,无法有效 地调整种群多样性和收敛速度之间的平衡。如果P。

和 Р " 的数值过高, 虽然有利于跳出局部最优, 增大 找到全局最优的可能性,但是会破坏现有的优良个 体,增加算法随机性;如果 P_c 和 P_m 的数值过低,又 不容易产生新的个体,容易导致进化停滞不前。文 献[10]提出在多种群并行遗传算法的进化策略中 采用自适应调整的进化参数,虽然在一定程度上改 善了进化效果,但本质上仍然是在固定区间内对P。 和 Р " 取值,自适应能力有限。遗传操作在计算过程 中是完全随机的,经过遗传操作进化的新染色体可 能更加优秀或劣质,导致 GA 在寻优过程中缺乏方 向性。而且 GA 不善于对局部区域进行细致搜索, 导致该算法的局部搜索能力较差。Hinton[12]等人率 先引入学习机制来引导 GA 算法的进化方向, 为个 体提供更加优良的进化途径。在此基础上,不同的 学习方法被引入 GA 以增强 GA 的性能。如单纯形 法[13]、模拟退火算法[14]等。上述方法能够有效增强 GA 的运行效率和求解质量,但增加了算法的计算 复杂度。文献[15]将聚类思想与模式定理结合提出 一种新的学习机制来引导种群的进化方向,该算法 实际操作较为简单,其运行时间与SGA 近似为一种 次线性的关系,即在不增加算法的基本运算频度的 基础上增强了算法的局部寻优能力。但该算法采用 线性的方式来控制学习机制的运行,在算法中后期 会出现学习机制失效的现象。

为设计一种更加高效的遗传算法,本文在前人研究基础上做出改进,提出了最优权动态控制学习机制的多种群遗传算法(OWLMGA, Multi- population Genetic Algorithm Based on Optimal Weight Dynamic Control Learning Mechanism)。具体方法如下:

- 1) 采用一种均匀分区多种群初始化方法,该方法在避免扩大种群规模的基础上,能够产生多个种群较均匀分布在解空间的不同区域,保证了初始解的多样性,避免算法结果因多样性差陷入局部最优。
- 2) 采用一种改进的多种群并行机制,该机制首 先对现有进化策略做出改进并提出一种新的保存 策略,其次将不同种群分离承担不同的进化功能 (详见 2.2.1),减弱了传统并行机制在解空间勘探 和开采的矛盾,使算法能够有效地保持种群多样性 和收敛速度之间的平衡。
- 3)采用了最优权动态控制的学习机制,该机制 利用一种基于适应度的评价函数衡量基因模式的

优劣程度,并能够根据进化中种群个体适应度的不同情况自适应调节基因模式的引导过程。

2 OWLMGA 基本思想

为改进 GA 易"早熟"收敛的缺点,提出均匀分区多种群初始化方法和改进的多种群并行机制。为引导算法进化方向及加强局部搜索能力,提出了动态控制的学习机制,并将两种机制结合起来,形成一种能充分发挥两种机制优势的混合算法。

2.1 均匀分区多种群初始化方法

GA 从一组分布于解空间超平面的可能解开始 寻优, 理论上, 算法希望这些可能解均匀分布在解空 间,此时种群多样性较丰富,有助于算法摆脱"早 熟"收敛,找到全局最优值。实际上,由于随机初始 化方法的不确定性,会出现可能解聚集在解空间超 平面局部一侧的情况,这样种群的多样性就会比较 差。文献[10-11]所代表的多种群并行遗传算法都采 用了随机初始化方法独立产生多个种群,虽然多个 种群的存在一定程度上缓解了可能解局部聚集的情 况,但多样性较差的可能性仍然存在。多样性差的 种群通过遗传操作进化时,往往会收敛到可能解附 近的局部最优值便停滞不前, 若要打破这种不利局 面,则需要数值比较大的P。和Pm,但是,数值比较 大的 P 。和 P ··· 在帮助种群探索全局最优解的同时, 会不断破坏群体内个体的优良基因,使个体迟迟不 能收敛到全局最优解, 最终影响算法的性能。

海明距离(两条染色体间相同基因座上不同基因的数量)是衡量遗传算法种群多样性的传统方法之一。与其他度量方法相比,海明距离方法的主要优点是操作简单,仅需比较个体所代表的字符串,而不需要与目标函数相关的信息,不会增加计算复杂度。该方法的另一个优点是比较的是个体基因型的差距,而不是个体表现型之间的差距,能够更好的判断个体基因之间的亲属关系。

聚类分析是模式识别中非监督学习的一个重要的方法,聚类分析的目的是将若干实例按照"相似度"划分为不同的集合,每个集合中的实例按照规定的度量来说"相似",而不同集合之间的实例按相同的度量来说"不相似"。本文借鉴聚类划分中常用的 K-means 算法的基本思想提出一种均匀分区多种群初始化方法,首先选取海明距离作为实例(个体)之间的相似性度量,以最大海明距离为准则划分出不同集合(种群)的聚类中心点,然后每个聚类中心点将符合海明距离的实例收入集合中。均匀分区多种群初始化方法在解空间中聚类划分的问

题可以描述为:对于给定的个体样本,按照最大海明距离划分为M个种群,种群染色体数目N,令P代表i个个体样本构成的集合, $H_1,H_2,...,H_M$ 代表M个划分后的种群集合,则基本思想满足:

$$H_k \neq \emptyset$$
 , $k=1,2,...,M$.
$$H_k \cap H_l = \emptyset$$
 , $k=1,2,...,M$; $l=1,2,...,M$; $k \neq l$.
$$\bigcup_{k=1}^{M} H_k = MN << P$$
 .

均匀分区多种群初始化方法能够使不同种群较均匀地分布在解空间的不同区域,每个种群随机地将适当距离的可能解放入种群中,该方法避免了随机初始化方法导致可能解聚集在局部区域的情况。通过这样的方式进行种群初始化,可以在避免扩大种群规模基础上保证种群多样性,有助于算法跳出局部最优值,寻找全局最优值。

均匀分区多种群初始化方法流程如下:

- (1) 初始化种群参数:种群总数目M,每个种群的染色体数目N,种群集合H,种群计数变量m=0, H_m 表示第m个种群, R_m 表示m种群染色体数目。
- (2) $P = \{x_1, x_2, ..., x_i\}$,代表一个含有 i 个染色体的可能解集合,其中 i 的规模为 M * N 的 5-10 倍左右。
- (3) 从 P 中选择第一个染色体 x_1 放入种群 H_m , m = m + 1, $x_1 \to H_m$, $H_m \to H$ 。
- (4) 对于 $\forall x_i \in P$,且 $x_i \notin H$ 使得 $Distance(x_1, x_i) = max(Distance(x_1, x_i))$, $m = m + 1, x_i \rightarrow H_m, H_m \rightarrow H$ 。
- (5) $若_{m < M}$,转(6),否则转(7)。
- (6) 对于 $\forall x_i \in H$, 若 $\exists x_k \in P$, 且 $x_k \notin H$, 使得 $Distance(x_i, x_k) = max(Distance(x_i, x_k))$, (t = 1, 2, ..., m; k = 1, 2, ..., i) , 则 m = m + 1 , $x_k \to H_m$, $H_m \to H$ 。 转 (5)。
- (7) 若存在 $R_m < N$,对于 $x_k \in H_m$, $x_k = H_{m,head}$, $H_{m,head}$ 表示种群 的第一个染色体,对于 $\forall x_i \in P$,且 $x_i \notin H$,使得 $Distance(x_k,x_i) \leq max(Distance(x_k,x_i))/M$,则 $x_i \rightarrow H_m$, $R_m = R_m + 1$,转(5),否则结束。

上述初始化方法可以使种群均匀分布于解空间的不同区域,但同时也考虑了种群分布的整体质量,并不是盲目的追求均匀化。具体来说,由步骤(3)至步骤(6)可以看出,本文首先选出聚类中心点,该中心点与其选定的度量距离保证了种群分布的均匀度。由步骤(7)可以看出,任意个体与某个聚类中心点只要在选定的距离范围内就会被收入种群中,在种群所代表的集合之间的分布具有足够均匀度的前提下,这种随机收入个体的偏好随机方式能够较好的保证种群初始化后有足够丰富的解空间信息,又在一定程度上避免了盲目的随机性,有利于保持种群的整体质量。

2.2 改进的多种群并行机制

有效控制种群多样性是搜索到全局最优解的基本条件,单种群演化较难克服 GA 收敛速度和种群多样性之间的矛盾,算法易出现早熟收敛或频繁在非有效区域进行搜索导致搜索效率较低[16]。OWLMGA在文献[17]所提出的进化策略基础上做出部分改进并提出一种改进的多种群并行机制,通过变换种群遗传操作的参数及种群分离承担不同的进化功能而有效的控制种群独立演化特性,保持种群多样性和收敛速度之间的平衡,进而提升算法的性能。

将数值较大的Pm和数值较小的Pc称为探索策 略(Exploration strategy),并且在遗传操作上选择先 进行变异操作再进行交叉操作,最后执行选择复制 操作。该进化策略有利于种群跳出局部最优,探索新 的解空间。将数值较小的 P ... 和数值较大的 P . 称为 开发策略(Development strategy),该策略首先执行 交叉操作再进行变异操作,最后执行选择复制操作。 该策略能够重组现有基因产生新的个体以期待获 得更好的性状改变,使种群在当前解空间内充分进 行探索。普通策略(Normal strategy)采用介于开 发策略和探索策略之间程度的 P 。和 P m , 在进化操 作上采用 SGA 的选择复制、交叉、变异操作,该策 略兼具以上两者的功能。此外,还有一种与前述策 略不同的策略称为保存策略(Reorganization strategy),该策略不通过遗传操作在解空间进行寻 优,而是作为一个容器不断接收其他种群通过数据 共享传递过来的优秀个体进行处理,该策略能够充 分发掘其他种群优秀个体的"进化潜能",并使优 秀基因能够有效遗传下去。

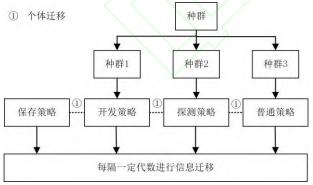


Fig.1 Processing structure of improved multi-population parallel mechanism 图 1 改进的多种群并行机制执行过程

图 1 描绘了 OWLMGA 多种群并行机制的执行过程,首先算法初始化产生多个种群,算法开始时,种群复制自身并配置上述改进的进化策略。各种群独立进行演化,种群之间每代都进行个体迁移,即

将当代自身的优秀个体传递给保存策略子群。保存策略子群对传递过来的优秀个体进行交叉来重组基因产生新染色体,选择最优 N 个染色体作为新子群进入下一代。每隔一定代数,各种群之间进行信息迁移,即与公共区域共享基因模式和最优个体(详见 2. 3. 1 定义 9),探索策略与开发策略互换种群,然后再各自进化,如此反复,直到算法结束。

2.2.1 改进的并行机制理论研究

模式定理(Scheme Theorem)与积木块假设(Building block hypothesis)是由 Holland 提出的构成 GA 进化动力学的基本原理[18],Holland 将种群中个体基因型相似样板称为遗传模式,其中"低阶、短距并高于种群平均适应度的遗传模式"被定义为积木块。模式定理说明了积木块有更大概率在进化过程中被遗传算子继承并重新联结成新的解,这个过程可以看作"搭积木"的过程[16]。GA 在遗传算子的作用下不断整合积木块产生适应度更高的个体,从而找到更优的解,这就是 Holland 提出的积木块假设。以上两种理论共同阐述了 GA 寻求最优解的可能性及能力,对遗传算法的理论和实践具有重要的引导意义。

Holland 早期的研究[18]指出, GA 中的遗传操作 对基因的重组作用主要包含两个方面:遗传模式保 存能力和遗传模式重组能力。前者是指重新联结已 有的低阶有效遗传模式组成高阶遗传模式:后者是 指打破已有的遗传模式并对其中的基因位进行重 组产生新的低阶有效遗传模式。算法依靠着两种能 力不断改进现有解朝着最优解的方向收敛,两种能 力互为矛盾,算法难以同时具备强力的遗传模式保 存能力和遗传模式重组能力[18]。而本文利用并行机 制中多种群独立演化及优秀个体迁移的特性,赋予 不同种群不同的进化功能(即模式重组和模式保 存), 进而使算法从整体上看同时具备较强的遗传 模式重组能力和遗传模式保存能力。一方面,多数 种群使用互不相同的进化策略进行搜索,主要负责 勘探新的有效基因并对其进行重组产生新的低阶 有效遗传模式。为了进一步增强算法的遗传模式重 组能力,保持这些个体在解空间勘探与开采的有效 平衡,本文首先对传统进化策略进行改进,当种群 多样性低时,种群差异度小,种群包含的解空间信息 不够丰富,此时按照传统遗传算法先进行选择与交 叉操作,产生新个体的可能性较小,之后再进行变异 操作虽然能够产生新的有效基因,但其个体表现型 的适应度普遍比较低,这些基因还没通过交叉操作 重组成新的低阶有效遗传模式就随所在个体被执 行顺序靠前的选择操作所淘汰;当种群多样性高时,

种群差异度大,种群包含足够丰富的信息,此时按照 传统遗传算法先进行选择、交叉操作,虽然有机会重 组有效基因产生新的低阶遗传模式提升个体表现 型的适应度,但之后进行变异操作很可能使新产生 的低阶遗传模式被破坏,削弱了交叉算子的作用。针 对这一情况,本文提出的进化策略更符合种群进化 状况,提高了搜索效率和收敛性;其次对种群的进化 策略进行了调整.具有较强勘探能力的种群经过一 段时间的进化后,种群具有丰富的多样性,包含较 多解空间的信息,此时应调整种群的进化策略,使 种群专注于对信息的开发,产生更多的低阶遗传模 式;而具有较强开采能力的种群经过一段时间的进 化后,对现有的基因挖掘出了足够的信息,此时应 调整种群的进化策略,使种群探索更多的有效基 因。另一方面,实行保存策略的种群通过个体迁移的 方式接收其他种群传递来的优秀个体,该类个体往 往包含较多的低阶有效遗传模式,通过对这些个体 进行交叉处理,使低阶遗传模式有更大几率重新联 结组成高阶遗传模式,产生新的最优解,增强了算 法的遗传模式保存能力。

2.2.2 改进的并行机制的测试

本文使用函数 F_1 和 F_2 来测试改进的并行机制的性能。 F_1 是多峰函数,其函数表达式为:

$$F_1 = (X_i^2 + X_{i+1}^2)^{0.25} [\sin^2(50(X_i^2 + X_{i+1}^2)^{0.1}) + 1]$$

 F_1 的 定 义 域 空 间 为 $-100 < X_i < 100$, 当 (X_i, X_{i+1}) 取值为(0,0)时, F_1 取得全局最小值 0。

F 2 是高维函数,其函数表达式为:

$$F_2 = \sum_{i=1}^{D} \left| X_i \right| + \prod_{i=1}^{D} \left| X_i \right|$$

 F_2 的定义域空间为 $-10 < X_i < 10$,本文测试计算中, F_2 的维度设置为 20, F_2 的全局最小值为 0。

表 1 并行机制测试实验结果

Table 1 Comparison results of parallel mechanism

		PM		IPM		
序号	收敛精度	AOS	CR	AOS	CR	
<i>F</i> 1	10 -1	1.02E+00	0.433	2.00E-02	0.967	
${\it F}$ 2	10^{1}	1.54E+01	0.267	5.59E+00	0.733	

选取文献[5]提出算法中的并行机制(PM)与本文提出的改进并行机制(IPM)对比实验,PM中进化策略与文献[5]保持一致,各种群独立进化,每代将全局最优个体传递给其他种群,大体定位后再采用爬山法进行细致搜索(详见该文)。主要参数设置为:PM种群数目为6,IPM种群数量为2(IPM经复

制后与 PM 种群数量一致),染色体数目 50, $p_{e1}=0.7$, $p_{m1}=0.1$, $p_{e2}=0.5$, $p_{m2}=0.3$, $p_{e3}=0.85$, $p_{m3}=0.05$,在 IPM 中每隔 10 代进行一次策略调整。测试选取两个指标来评价并行机制的性能:1) 平均最优解 (Average Optimum Solution, AOS),该指标是算法多次运行的最优适应度的均值,反应求解质量的好坏。2) 收敛率 (Convergence Rate, CR) 函数收敛次数占实验总执行次数的百分比。当函数求解结果满足于指定的收敛精度时认为收敛成功,收敛精度应综合考量并行机制的性能来设定,以便更好的区分并行机制之间的优劣。

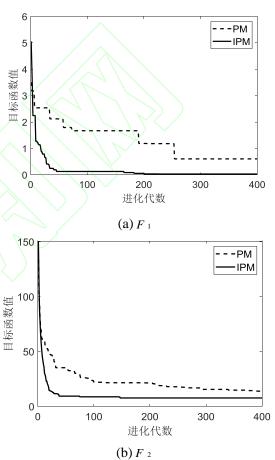


Fig.2 Comparison of the performance of parallel mechanism 图 2 并行机制性能对比图

表(1)表示两种并行机制各执行 30 次后的实验结果,可以看出 IPM 的性能要好于 PM,这是由于 PM 使用固定的进化策略,难以保持在搜索空间勘探和开采之间的平衡,使得大部分染色体进化效果较差。对于具有较大 P。和 Pm 数值的种群来说,虽然容易丰富群体多样性,扩大种群的搜索范围,但是其中有希望成为全局最优解的优秀个体的基因容易被破坏,使种群无法保持稳定,难以收敛。对于具有较小 Pe 和 Pm 数值的种群来说,虽然能够充分利用现有染色体的基因,但其跳出局部最优解探寻全局最优

解的可能性较小,并且也缺少对迁移来的优秀个体进行进一步开发的能力。而 IPM 通过种群分离控制不同功能进而有效地控制了勘探与开采的平衡,部分种群实施上述改进的策略负责在解空间勘探新基因并重组成新的低阶遗传模式,保存策略子群负责将低阶遗传模式重新联结为高阶遗传模式,通过这样的方式使算法同时具备良好的遗传模式重组能力和遗传模式保存能力。为进一步加强算法的遗传模式重组能力,OWLMGA 对进化策略进行了改进,并对种群的进化策略进行调整,通过这样的方式提高了搜索效率,改善了染色体的进化效果。

图 2 表示某次实验中两种并行机制求解函数的最优值曲线,可以看出 IPM 所代表的进化曲线出现了多次的波折提升,而 PM 所代表的曲线每次波折后会出现一段时间的停滞,这是由于 PM 采用固定的进化策略,使得探索能力较强的种群发现了新的有效基因却没有能力对其重组,反而不断破坏新基因和原有的遗传模式;而开发能力较强的种群虽然能够重组有效基因产生新的遗传模式,但该种群对搜索空间的勘探能力较弱,种群若长时间未发现新的有效基因会陷入停滞状态;PM 这种矛盾的进化方式较难控制种群多样性和收敛速度的有效平衡。而IPM 中每个种群只需负责单一进化功能,不同种群之间相互协作,通过这样的方式减缓了 PM 进化过程中出现的矛盾,增强了算法的寻优能力,有效控制了 GA 收敛速度和种群多样性之间的平衡。

2.3 最优权动态控制学习机制

2.3.1 学习机制基本概念

定义1设 $H = \{H_1, H_2, ..., H_m\}$ 为所有种群的集合,种群的个数设为M,每个种群内染色体数目为N。

定义 2 年龄与超龄: 对于任意种群 H_m , 存在 $\forall x_i \in H_m$, 都有 $x_{ig.age}$ 表示染色体 x_i 在 g 代的年龄, 对于任意染色体 x_i , 其初始年龄为 0, 年龄更新公式(1)如下:

$$\chi_{ig + 1.age} = \chi_{ig.age} + \alpha \left(\frac{H_{mg.ave}}{\gamma_{i.fit}} \right)$$
 (1)

其中 $i=1\sim N$, α 表示控制参数(取值范围为 0-1), $H_{mg.ave}$ 表示 H_m 在第 g 代的平均适应度, $x_{i.fit}$ 表示染色体 x_i 的适应度值。若染色体长期低于种群平均适应度, 其年龄就较大, 表明该染色体"进化潜能"较差, 当染色体年龄超过规定年限Iife 时,成为超龄个体,在后续进化中会被淘汰。 $H_{m.old}$ 表示 H_m 中超龄个体的数目,即群体内年龄大于规定年限染色体的数目。

定义 3 优秀率: 对于任意种群 H_m 都有 H_e 表示 H_m 的优秀率 (计算公式见 2.3.4),优秀个体的数目 $r = H_e * N$,N 为种群大小,即将 H_m 中适应度最大

的r个个体称为优秀个体。

定义 4 基因模式与模式抽取: 对于任意种群 H_m , 设 种 群 任 意 两 个 染 色 体 分 别 为 $x = \{x_1, x_2, ..., x_j\}$, $y = \{y_1, y_2, ..., y_j\}$, $x_j, y_j \in \{0,1\}$, 两

个染色体通过公式:
$$z = x \times y = \begin{cases} x_j, x_j = y_j \\ *, x_j \neq y_j \end{cases}$$
 获得的

染色体称为模式, 其中, $z_i \in \{0,1,*\}$, "*"代表基因模式中非确定位, 种群基于当代所有优秀个体进行抽取得到的模式称为基因模式, $H_{mg.scheme}$ 表示 H_m 在第 g 代的基因模式。

定义 5 模式学习: 对于任意种群 H_m ,设种群的任意一个染色体为 $x = \{x_1, x_2, ..., x_j\}$,该染色体和基 因 模 式 $H_{mg.scheme} = \{z_1, z_2, ..., z_j\}$ 通 过 公 式:

$$x^{\odot} H_{mg.scheme} = \begin{cases} x_j, x_j = z_j \vec{u} z_j = * \\ z_j, x_j \neq z_j \perp \perp z_j \neq * \end{cases}$$
 进行模式学习得

到一个新的染色体 x.new 。设待学习的染色体基因为 x = 1010110 ,基因模式 $H_{mg.scheme} = 1*0100*$,则经过学习后的 x.new = 1001000 。

定义 6 基因模式的权: 对于任意种群 H_m 都有 $H_{mg.weight}$ 表示 $H_{mg.scheme}$ 的权值,权值越高,表示 $H_{mg.scheme}$ 越"优良",权值越低,表示 $H_{mg.scheme}$ 越"劣质"(计算公式见 2. 3. 8)。

定义 7 最优基因模式:对于任意种群 H_m ,都有 $H_{m,b,scheme}$ 表示该种群截止到当前代次最"优良"(权最高)的基因模式。

定义8 全局最优模式:在算法进化过程中,截止到当前代次所有种群最优秀(权最高)的基因模式为全局最优模式,全局最优模式用 H. bscheme 表示。

定义 9 公共区域: 粗粒度模型[19]的多种群 GA 需要定期的进行数据迁移和交换, 本文利用公共区域来接收上述并行机制内各种群共享的基因模式和最优个体。之后, 公共区域会比较不同基因模式的优劣程度选出 H .bscheme , 同时筛选出全局最优个体。此外,公共区域还持续监听各个种群, 将 H .bscheme 分配给发出群间学习请求的种群。

2.3.2 学习机制操作过程

学习机制包括群内学习(LWP)和群间学习(LBP)两种学习方式,分别由群内学习算子 P_i 和群间学习算子 P_a 进行控制。在群内学习方式中,以模式学习作为主要学习操作,在群间学习方式中,以模式学习结合局部搜索策略作为主要学习操作。

- (1) 群内学习操作过程如下:
- a) 计算种群的 H e;
- b) 按照个体适应度大小降序选择 r 个染色体作为种群优秀个体;
- c) 对优秀个体进行模式抽取得到 $H_{mg.scheme}$,将得到的 $H_{mg.scheme}$ 与该种群的 $H_{m.bscheme}$ 的权值进行比较,更新 $H_{m.bscheme}$ 。

- d) $_{P_i}$ 控制群内染色体对 $_{H_{m.bscheme}}$ 进行学习, 并及时更新适应度值与年龄。
- e) 若达到规定进行信息迁移的代次,将 Hm.bscheme 和最优染色体传递到公共区域。
- f)公共区域将各种群传递过来的 $H_{m.bscheme}$ 和最优染色体与已有的 $H_{.bscheme}$ 和全局最优个体进行比较,并更新 $H_{.bscheme}$ 和全局最优个体。
- (2) 群间学习操作过程如下:
- a) P。判断种群是否进行群间学习,确定进行群间学习的种群向公共区域发送学习请求。
- b) 公共区域将 H. bscheme 发送给该种群。
- c)种群首先淘汰超龄个体,剩存染色体通过结合局部搜索策略的模式学习方法对 H bscheme 进行学习,通过局部搜索策略新产生的染色体按适应度大小填补被淘汰超龄个体的空缺,并及时更新适应度值和年龄。

群内学习能够引导个体的进化方向,个体通过 对优秀个体共性基因的学习使自身性状在较少遗 传代次得到改善。但是若只进行群内学习,种群之 间没有共享信息,就无法避免因学习共性基因而引 起的多样性的减弱,容易陷入局部收敛。群间学习 引导种群的进化方向,具有较多超龄个体的种群进 化程度较低,说明该种群"进化潜力"较差,仅仅 通过群内学习很难追赶上其他种群。因此不但要 通过模式学习对 H bscheme 的确定位进行学习,还要 通过局部搜索策略对 H. bscheme 的非确定位的邻域进 行探索开发以产生新的染色体,并使用新染色体取 代超龄个体,新染色体通过对种群多样性的提高来 提高种群的"进化潜能",以期待该种群在后续进 化中有较大的进步。若只进行群间学习,个体之间 缺乏信息传递和反馈,会影响算法的收敛速度。因 此需要同时采用两种方式对种群进行共同引导。 具体来说,每次迭代时某种群中的每个个体分别以 概率 P_i 进行群内学习.之后种群本身以概率 P_o 进行 群间学习,如此,发挥两种学习方式优势,提升算法 的性能。

2.3.3 学习机制的理论研究

学习机制对种群内优秀个体提取共性基因组成基因模式,控制种群内其他个体对基因模式进行学习来改变自身。这种机制是否有理论上的支持?

拉马克进化学说(Lamarckian learning)主张环境条件的改变能引起生物发生适应环境的变异,即生物体通过后天学习获得性状改变,这种改变可以通过基因遗传给后代。即"用进废退"和"获得性遗传"。把上述思想应用在遗传算法中,则染色体需要在"环境"影响下获得性状改变并直接编码到染色体基因上^[20]。在本文中,"环境"即学习机制,学习机制在模式定理思想(详见 2. 2. 1 小节)引导下

对种群抽取基因模式,作用于染色体,使其对基因 模式进行学习, 通过这样的方式使染色体获得性状 上的改变,基于拉马克学习的学习机制可以将这种 变化按照表现型空间与基因型空间的映射关系直 接编码到个体的基因型。但是拉马克学习无法对这 种变化进行有效的区分,搜索到更好的表现型就改 变原有基因型,在增大算法寻优性能的同时,陷入 局部收敛的可能性也在增大。而学习机制通过对种 群的优秀个体进行模式抽取,获得的基因模式包含 多个优秀个体的共性基因, 因此基因模式可以更进 一步的定义为"由多个低阶有效模式组成的定长基 因串"。个体通过学习基因模式获得优秀个体的共 性基因,由于各染色体的基因组合不同,有的染色 体会直接学习到有效遗传模式,也有染色体的基因 与学习到的基因组成新的有效遗传模式,两种形式 都有助于个体产生有益的性状变化。基因模式抽取 的不是单独染色体的基因, 而是多个优秀个体共有 的基因,降低了种群因学习陷入局部收敛的风险。 搜索到更高表现型的个体在选择操作作用下有更 大概率被选入下一代,通过这样的方式来引导进化 方向并将有效遗传模式继承下去。

2.3.4 自适应改变优秀率 H 。的值

优秀率 H. 负责每次迭代时筛选种群内优秀个体,通过对优秀个体进行模式抽取得到的基因模式来引导种群进化方向。 文献 [15] 采用线性的方式 (详见该文) 计算 H. , 使得 H. 的值在种群平均适应 度随迭代次数而增加时将越来越高, 高数值 H. 意味着优秀个体的数目较多, 在此基础上进行模式抽取获得的基因模式将充满非确定位, 使基因模式失去作用。因此, 为了更好的发挥优秀率在学习机制不同时期的作用, 避免基因模式在算法进化中后期充满非确定位, 本文提出了一种根据进化代数自适应控制优秀率值的选取计算式(2):

$$H_{e} = \begin{cases} H_{e1} + \frac{H_{e2} - H_{e1}}{2} \sin\left(\frac{g}{G}\pi\right) & g \ge \frac{G}{2} \\ H_{e1} + \frac{H_{e2} - H_{e1}}{2} \left(1 - \sin\left(\frac{g}{G}\pi\right)\right) & g < \frac{G}{2} \end{cases}$$
(2)

公式 (2) 中: H_{e1} 是最小优秀概率, H_{e2} 是最大优秀概率, g 是当前进化代数, G 是总进化代数。

图 3 中, 虚线代表遵循线性变换的文献[26]中的 H_e , 实线表示遵循公式(2)的 H_e 的变化规律。文献 [15]所提出的优秀率计算式是基于线性的改变,本文引入 sin 函数可以起到非线性地自适应改变优秀率的作用, 使 H_e 的数值更加符合算法的进化现状, 使种群能够更好的选取优秀个体。具体来说, 算法开始时, 实线相比同时期的虚线有更高的优秀率值,

这是因为算法进化初期,种群平均适应度较低,优秀个体内包含较多劣质基因,为避免劣质基因混入基因模式,公式(2)在进化前期自适应的提高 He的值,旨在增加优秀个体数量,对较多优秀个体进行模式抽取会减小劣质基因混入基因模式的概率。随着算法进入中后期,优秀个体基因之间相似度比较高,为避免真正的优秀基因被较差优秀个体的劣质基因干扰,实线随着进化代数增加而提升的速度比同时期的虚线缓慢,这样能够保证只有真正优秀的基因才被抽取到基因模式中,还可以避免算法中后期基因模式充满非确定位的现象,使基因模式在算法中后期也能够引导进化方向。

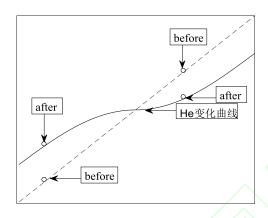


Fig.3 Adaptive curve of excellent rate values 图 3 优秀率自适应曲线

2.3.5 自适应改变群内学习算子 Pi 的值

群内学习算子 P_i 控制种群内染色体对 H_{m.bscheme} 进行群内学习操作。文献[15]计算 P_i 时未充分考虑种群进化情况,随着种群平均适应度的增长,群内学习频率逐渐升高,种群极易陷入"早熟"收敛。在本文中,计算 P_i 不但要考虑进化的时期,还要考虑种群本身进化程度。算法前期,种群内个体质量普遍较差,应通过增大 P_i 加强对种群的引导进化,随着算法的进行,应逐渐降低 P_i 来保持种群多样性,以提升收敛到最优解的能力。此外,还要考虑种群本身进化情况,适应度较低的种群更应取较大数值的 P_i 来加强引导,适应度较低的种群更应取较大数值的 P_i 来加强引导,适应度较高的种群为了保持种群多样性,避免发生"早熟"收敛的现象,加快收敛速度,应该适当减小 P_i。综合以上几点,本文设计了一种自适应动态控制的群内学习算子:

$$P_{i} = P_{i1} + (P_{i2} - P_{i1}) \frac{1}{1 + \exp(\frac{g}{G} - 1)} (1 - (\frac{H_{m.ave}}{H_{m.best}}))$$
(3)

公式(3)中: P_{11} 是最小群内学习概率, P_{12} 是最大群内学习概率, Q_{12} 是当前进化代数, Q_{13} 是总进化

代数。 $H_{m.ave}$ 为种群 H_m 平均适应度值, $H_{m.best}$ 为种群 H_m 最优适应度值。

2.3.6 自适应改变群间学习算子 P。的值

群间学习算子 P。控制种群进行群间学习操作, 由定义 2 可知,如果染色体的适应度在进化过程中 长期处于较低状态,则该染色体的年龄会比较大, 说明该染色体"进化潜能"较差,此时需要淘汰超 龄个体并以新染色体补充超龄个体的空缺,新染色 体的加入能够提升种群多样性。文献[15]计算 P。 时未充分考虑超龄个体的影响, 使得种群进行群间 学习时可能出现淘汰超龄个体过多的情况而造成 算法不稳定或出现无超龄个体的情况而使群间学 习无效。计算 P。应当首要考虑群内超龄个体的数 目,种群内超龄个体较多时,说明该种群内染色体 的"进化潜能"较差,应当加大 P。淘汰超龄个体, 种群内超龄个体少时,说明该种群内染色体有较大 "进化潜能",该种群应当以群内学习为主,所以要 减少 P。。此外, 还要考虑种群相对于其他种群的进 化情况, 平均适应度较低的种群更应该进行群间学 习,以便追赶其他种群。综合以上几点,本文提出了 根据种群内超龄个体数目以及种群进化情况自适 应调节群间学习概率的计算式(4):

$$P_{s} = 4\sqrt[3]{\frac{H_{m.ods}}{N}(P_{s1} + (P_{s2} - P_{s1})\cos(1 - (\frac{max(H_{m.sve}) - H_{m.sve}}{max(H_{m.sve}) - min(H_{m.sve}))))}}$$
(4)

公式(4)中: P_{01} 是最小群间学习概率, P_{02} 是最大群间学习概率, g 是当前进化代数, G 是总进化代数。 $H_{m.old}$ 表示种群内超龄个体数目, N 表示种群内染色体总数目, $max(H_{m.ove})$ 为所有种群中最大平均适应度值, $H_{m.ove}$ 为当前种群平均适应度值, $f_{m.in}(H_{m.ove})$ 为所有种群中最小平均适应度值。

从公式(4)中可以看出种群内超龄个体的数量决定了 P。的大小,当超龄个体的数目较少时, P。值也较小,随着迭代的进行,种群内超龄个体的数目不断增多, P。值也逐渐增大,超龄个体被淘汰的几率也逐渐增大。这样,每次进行群间学习时,种群内的超龄个体能够保持在一定的数目,避免了种群进行学习时群内没有超龄个体或者超龄个体过多的情况,保证了种群进化的稳定性。最后,引入余弦函数非线性控制不同种群的学习概率,能够使种群的学习更加平滑,保持种群进化时的稳定性。具体来说对于种群平

均适应度值处于 $[min(H_{m.ave}), (max(H_{m.ave}) - min(H_{m.ave}))/2]$

的种群,该种群更应该追赶其他种群,所以有较大的 P。值;对于种群平均适应度值处于

$$[(max(H_{m.ave}) - min(H_{m.ave}))/2, (max(H_{m.ave}) + min(H_{m.ave}))/2]$$
 的种

群,该种群本身基因质量比较好,产生更好结果的可能性更大,因此小幅度增加该类种群的 P。值;其余种群与上述区间的种群相比有更大的平均适应度,说明这类种群有较好的"进化潜能",应当以群内学习为主,所以取较小的 P。。通过非线性的改变不同质量的种群学习比重,使群间学习能更好的发挥引导种群进化方向和加强局部搜索能力的作用。

超龄个体经历过多代的进化,虽然适应度较低,但也代表着解空间内与其相邻的可能解所在区域的信息。文献[15]采用随机产生新染色体的方法取代超龄个体,该方法的缺点一方面是由于新产生的个体往往表现比较劣质,在一定程度上会减缓算法的收敛速度;另一方面是超龄个体所代表的解空间信息会直接消失。本文采用 1.3.7 小节所表述的局部搜索策略对超龄个体进行信息挖掘,并以适应度作为质量准则来评价这些信息的价值,具有高价值的个体往往也具有更高的质量,从另一角度来说,这类个体也具有一定的"进化潜能"。局部搜索策略对这类个体进行了保留,对没有价值的个体进行了淘汰,通过这样的方式避免了超龄个体所代表的有效信息的缺失,同时还对这一有效信息进行了进一步的挖掘,有希望得到更优秀的个体。

2.3.7 一种新型局部搜索策略-分裂爬山法

GA 在迭代进化过程中,总是贪心选择适应度大的个体,导致 GA 容易陷入局部最优,无法收敛到全局最优解。为此,有国内外学者引入梯度法[21]、爬山法[5]、列表寻优法[22]等优化方法作为局部搜索策略,加强 GA 的局部搜索能力。本文在前人研究基础上,提出一种新的局部搜索策略,在染色体对基因模式的确定位进行学习时,该策略能够对其非确定位进行局部细搜,通过这种局部搜索策略,染色体能够在允许的邻域内搜索到适应度更高的个体。

设 H .bscheme = 10*10*011 , 待 学 习 的 个 体 为 x_1 = 011001011 , 首先是 x_1 的第一个和第二个基因对 H .bscheme 的相应位置基因进行学习, x_1 的第一个和第二个基因位置变为 1 和 0 , 当在第三个基因位置碰到 H .bscheme 的非确定位的时候,通过分裂算子来判定是否进行分裂,确定进行分裂后,以该非确定位基因为核心进行分裂,非确定位基因同时取 0 , 1 两个基因,并结合之前学习过的基因进行分裂产生两个新的染色体,分裂后的第一个染色体 x_2 = 100001011 , 第二个染色体 x_3 = 101001011 , 分裂后对父染色体 x_1 的第三个基因位进行取反操作(将 0 基因置为 1 , 1 基因置为 0),然后父染色体 x_1 继续进行学习和分裂操作,直至学习到 H .bscheme 的最后一个基因位。

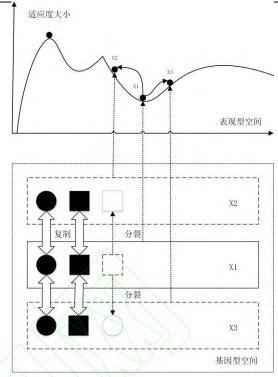


Fig.4 The illustration of new chromosomes by split mountain climbing method

图 4 分裂爬山法对染色体的影响

图 4 描绘了分裂爬山法作用于染色体在基因型空间和表现型空间的影响。由图中基因型空间可以看出 x1 在第三个基因位进行分裂产生了 x2 和 x3 两个染色体,在表现型空间可以看到 x2 和 x3 在 x1 的基础上进行适应度的攀爬,通过这样的方式实现了对 x1 邻域空间的探索,弥补 GA 局部搜索能力弱的缺陷,实现了探索新适应度的目的。而在群间学习中,该局部搜索策略分裂产生的新染色体按适应度值排列后用于补充被淘汰超龄个体的空缺,新染色体比"进化潜能"普遍较差的超龄个体更有机会进化为优良个体。此外,通过学习遍历 H .bscheme 后,第一个非确定位和最后一个非确定位之间有非常多种组合,因此新染色体之间基因相似程度并不高,新染色体补足超龄个体的空缺后,能够丰富种群的多样性。

2.3.8 基因模式的权

学习机制通过群内学习和群间学习共同引导种群进化,因此会有概率出现下一代基因模式不如上一代基因模式"优秀"的情况。

本文提出一种评价函数,通过该函数对基因模式进行赋权操作,算法以权值来比较不同基因模式的优劣程度,选出群内最优基因模式 $H_{m.bscheme}$ 和全局最优模式 $H_{a.bscheme}$ 。基因模式的权计算公式如下:

$$H_{mg.weight} = \frac{1}{f} \left(1 - \frac{3G - 2\sqrt{g}}{5G}\right) + H_{m.best} \frac{3G - 2\sqrt{g}}{5G}$$
 (5)

公式(5)中, $H_{m.best}$ 为种群最优秀个体适应度值,f是种群内除 $H_{m.best}$ 剩余优秀个体平均适应度值,g是当前进化代数,G是总进化代数。

进化前期,种群平均适应度较低,群内大部分染色体"劣质"基因较多,应当加强群体内最优秀个体引导种群进化方向的力度,减弱其他较差优秀个体的影响,所以在进化前期提高 $H_{m.best}$ 的权重,降低 \bar{f} 的权重。随着迭代的进行,种群平均适应度逐渐升高,群体内最优秀个体和其他优秀个体相似度也逐渐变大,考虑到最优秀个体有可能是局部最优解,为了避免种群进化方向被局部最优解错误引导,应逐渐降低 $H_{m.best}$ 的权重,提高 \bar{f} 的权重。

2.4 OWLMGA 算法流程

算法流程如图 5 所示:

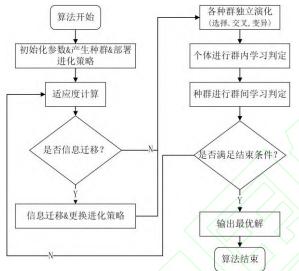


Fig.5 Flow chart of OWLMGA algorithm 图 5 OWLMGA 算法流程图

算法执行流程如下:

- (1) 初始化控制参数和公共区域。
- (2) 多样本均匀分区种群初始化产生父种群,父 种群自我复制生成子种群,子种群部署不同 进化策略。
- (3) 各子种群按自身进化策略独立计算演化,进 行遗传操作,更新个体适应度和年龄。
- (4) 各子种群将群体内优秀个体传递给同父种 群实施保存策略的子种群。保存策略子种群 对优秀个体进行发掘,保留优秀基因。
- (5) 对种群进行模式抽取获得基因模式,同时将基因模式和全局最优个体上传到公共区域。
- (6) 种群内个体通过 P_i 判定是否进行群内学习,否则转(7)。
- (7) 各子种群通过 P_a 判定是否进行群间学习,否则转(8)。

- (8) 检查终止条件, 满足转(9), 否则转(4)。
- (9) 算法结束。

算法实施时可利用 Matlab 的 PCT 进行并行运算,通过并行处理不同种群的进化,提升了算法的收敛速度,大幅度减少了算法解决问题的时间。

3 仿真研究

3.1 测试函数及对比算法

为验证本文提出的 OWLMGA 算法性能,本节以 12 个基准函数为对象进行仿真测试。 f_{1-} f_{6} 所代表的多峰值函数能够测验算法的开采能力及跳出局部最优的能力, f_{7-} f_{12} 所代表的高维函数用于测试算法的勘探能力及收敛能力。本文选取标准多种群遗传算法(SMGA)、文献[5]提出的 HGA及文献[15]提出的 PGABL 作为对比算法,其中以SMGA验证OWLMGA所改进的多种群并行机制的性能: HGA 将多种群遗传算法与局部搜索策略混合增强了多种群遗传算法的局部搜索策略混合增强了多种群遗传算法的局部搜索策略的有效性;PGABL 虽然使用了多种群并行机制,但各种群均使用了相同的交叉及变异参数,未能发挥多种群均使用了相同的交叉及变异参数,未能发挥多种群的优势,因此以该算法印证 OWLMGA 的学习机制。测试函数如表 2 所示,其中 D 是变量的维数。

3.2 仿真实验设置

为公平起见,SMGA、HGA、OWLMGA 均采用相同的参数,PGABL与原文保持一致。以上算法均采用二进制编码,适应度比例选择,单点交叉和多基因位变异。算法的控制参数如下:种群数目为 4,每个种群染色体规模 N 均为 50, 染色体长度为 40, 算 法 迭 代 次 数 G 为 400。 在 SMGA 中, $p_{c1}=0.7$, $p_{m1}=0.1$, $p_{c2}=0.5$, $p_{m2}=0.3$, $p_{c3}=0.85$, $p_{m3}=0.05$ 。在 HGA中, $p_{c1}=0.7$, $p_{m1}=0.1$, $p_{c2}=0.5$, $p_{m2}=0.3$, $p_{c3}=0.85$, $p_{m3}=0.05$ 。在 OWLMGA中, $p_{c1}=0.7$, $p_{c1}=0.7$, $p_{c2}=0.5$, $p_{c3}=0.85$

实验选取 4 个指标评价算法的性能:1)最优值,该指标反应了算法求解质量的好坏。2)最优收敛代数,该指标反应了算法求解最优值的速度,收敛代数越少,说明算法求解速度越快。3)平均收敛代数,该指标是算法多次运行的最优收敛代数的平均值,反应了算法求解最优值的稳定性。4)收敛次数及收敛率,收敛结果满足指定收敛精度时则认为收敛成功,收敛次数反应了算法求解最优值的成功率。收敛精度应综合考量函数维度及不同算法之间的性

能来设定,以便更好区分算法之间的优劣。

Table 2 Test Function 表 2 测试函数

 函数序号	函数表达式	解空间	理论最优值
<i>f</i> 1	$(4-2.1X_{i}^{2}+\frac{X_{i}^{4}}{3})X_{i}^{2}+X_{i}X_{i+1}+(-4+4X_{i+1}^{2})X_{i+1}^{2}$	[-10,10]	-1.031628
f 2	$\left[\frac{3}{0.05 + (X_i^2 + X_{i+1}^2)}\right]^2 + (X_i^2 + X_i^2)^2$	[-5.12,5.12]	3600
f 3	$[100(X_i^2 - X_{i+1})^2 + (1 - X_i)^2]$	[-2.048, 2.048]	3905.9262
f 4	$\frac{\sin^2 \sqrt{X_i^2 + X_{in}^2} - 0.5}{[1.0 + 0.001(X_i^2 + X_{in}^2)]} + 0.5$	[-100,100]	0
<i>f</i> 5	$0.9 \exp\left[-\frac{(X_{i}+5)^{2}+(X_{i+1}+5)^{2}}{10}\right]+0.99996 \exp\left[-\frac{(X_{i}-5)^{2}+(X_{i+1}-5)^{2}}{20}\right]$	[-10,10]	1
f 6	$(-1) \times (X_i^2 + 2X_{i+1}^2 - 0.3\cos(3\pi X_i) - 0.4\cos(4\pi X_{i+1})) + 4$	[-1,1]	4.699
<i>f</i> 7	$\sum_{i=1}^{D} (X_{i}^{2} - 10\cos 2\pi X_{i} + 10)$	$[-10,10]^{D}$	0
f 8	$-20 \exp \left(-0.2 \sqrt{\frac{1}{D} \sum_{i=1}^{D} X_{i}^{2}}\right) - \exp \left[\frac{1}{D} \sum_{i=1}^{D} \cos 2\pi X_{i}\right] + 20 + e$	$[-32,32]^{D}$	0
f 9	$\sum_{i=1}^{D-1} (X_i^2 + 2X_{i+1}^2 - 0.3\cos 3\pi X_i - 0.4\cos 4\pi X_{i+1} + 0.7)$	$[-50,50]^{^{D}}$	0
f 10	$\sum_{i=1}^{D} \boldsymbol{X}_{i}^{2}$	$[-100,100]^{^{D}}$	0
f 11	$\frac{1}{4000} \sum_{i=1}^{D} X_{i}^{2} - \prod_{i=1}^{D} \cos \frac{X_{i}}{\sqrt{i}} + 1$	$[-10,10]^{D}$	0
<i>f</i> 12	$\sum_{i=1}^{D} \left[\sin\left(\frac{16}{15}X_{i}-1\right) + \sin\left(\frac{16}{15}X_{i}-1\right)^{2} + \frac{1}{50}\sin\left(4\left(\frac{16}{15}X_{i}-1\right)\right) + 0.268 \right]$	$[-10,10]^{D}$	0

3.3 仿真实验结果分析

表 3 与表 4 表示 4 种算法各执行 30 次后的优 化测试结果。由测试结果可以看出,与 SMGA、 HGA、PGABL 相比, OWLMGA 求解的函数最优值 更接近函数的理论最优值,说明该算法求解精度 高。OWLMGA的收敛次数接近实验总次数,其中对 函数 f_1 和 f_2 求解的收敛次数与实验总次数一致, 说明该算法的稳定性较好。由 PGABL 求解 f_{\perp} 结果 可知,虽然收敛次数较低,但发生收敛的平均代数也 较低,说明学习机制赋予了该算法较好的寻优能力, 而 PGABL 求解 f_2 未发生满足收敛精度的收敛,这 是因为 f 2 的全局最优值被局部最优值包围,算法寻 优过程中极易陷入局部极值点,说明该算法跳出局 部最优能力较差。f3的数学特性类似于聚集的多个 山峰,其每个顶峰都有一个局部最大值,会对算法造 成干扰,该函数能够体现算法跳出局部极值及收敛 能力,由最优迭代次数和收敛次数上可以看出,HGA 虽然收敛次数比 SMGA 低,但最优迭代次数表现较好,这是因为 HGA 所使用的局部搜索策略提升了该算法的局部搜索能力,但也更易陷入局部最优。而OWLMGA 求解 f_3 收敛次数较高,且收敛的平均迭代次数较低,说明该算法具有更好的跳出局部最优的能力和开发能力。在求解 f_7-f_8 高维函数时出现了两个极端,在本文 30 次实验中,PGABL 求解 f_7-f_8 未发生收敛,而 SMGA 和 HGA 有较少收敛次数,说明并行机制提升了算法的全局寻优能力,OWLMGA 求解 f_7-f_8 具有较高的收敛率,说明OWLMGA 有更好的全局寻优能力和收敛能力。

图 6 描绘了某次实验中 SMGA、HGA、PGABL 与 OWLMGA 对 12 个测试函数求解的每代最优值的比较。由图 (6) 中的 (c) 和 (e) 可以看出, 相对于其他算法,OWLMGA 有更好的初始解, 这是由于均匀分区初始化方法产生的种群, 其群体内的个体能够较好的分布在解空间, 该方法使得新产生的个体有几

率位于函数峰值附近,因此算法有较好的初始解。

Table 3 Comparison results of optimizing function $f_1 - f_6$

表 3 fi-f。函数测试实验结果

函数序号	收敛精度	测试算法	最优解	最优收敛代数	平均收敛代数	收敛次数	收敛率
<i>f</i> 1		SMGA	-1.03162085214	143	279	16	0.533
	5	HGA	-1.03162380642	117	160	21	0.700
	10 ⁻⁵	PGABL	-1.03162548353	102	199	14	0.467
		OWLMGA	-1.03162775332	23	42	30	1.000
		SMGA	3599.999941008	212	358	14	0.467
fo	1.0 -3	HGA	3599.999973133	144	241	11	0.367
f 2	10 ⁻³	PGABL	3597.734207391			0	0
		OWLMGA	3599.999997227	16	33	30	1.000
		SMGA	3905.926203211	102	216	21	0.700
fo	1.0 -3	HGA	3905.926226841	95	182	24	0.800
f 3	10^{-3}	PGABL	3905.926065775	79	130	16	0.533
		OWLMGA	3905.926229358	19	51	29	0.967
		SMGA	0.009716038836	101	323	5	0.167
f ,	10 ⁻¹	HGA	0.009798191164	238	344	7	0.233
f 4	10	PGABL	0.010132960113	209	271	2	0.067
		OWLMGA	1.820811851e-08	125	169	26	0.867
		SMGA	0.9996872578996	128	217	13	0.433
f.	1.0 -3	HGA	0.9999599992052	102	188	21	0.700
f 5	10^{-3}	PGABL	0.9997166615499	65	82	3	0.100
		OWLMGA	0.9999600018436	14	46	30	1.000
f 6		SMGA	4.69999971637323	156	240	7	0.233
	10 ⁻⁵	HGA	4.69999995689577	133	209	18	0.600
		PGABL	4.69657512260325			0	0
		OWLMGA	4.69999996584033	55	112	30	1.000

由图 6 的(d)和(g)可以看出,SMGA、HGA与 OWLMGA 在求解高维函数的表现要优于 PGABL, 这是因为多种群并行机制使算法能够保持较好的 多样性及全局寻优能力。而由图 6 中的(b)可 知, SMGA 虽然能够收敛到全局最优值, 但是该算 法的进化曲线出现了长时间水平停滞状态,这是由 于该算法使用固定的进化策略导致群体内个体的 进化效果较差,但是由于种群间个体迁移的作用使 得该算法总能产生新的最优值,使得该算法在大部 分情况下总是能够收敛。而 OWLMGA 所对应的进 化曲线更加"陡峭",这是由于算法为每个种群部 署不同的进化策略并定期调整进化策略, 使得种群 不必等待个体迁移,而是通过策略的调整便能进行 自我开发产生新的最优解,保存策略保证了算法不 会因更换策略而导致群体内优秀个体的基因被破 坏,优秀个体之间重组产生更优秀解的可能性更 大。由图 6 中(e)和(h)可以看出, PGABL 算法对应的 曲线在进化前期有比较"陡峭"的变化趋势,表明

该算法在进化前期有较强的寻优能力,而在进化后 期,该曲线出现了长时间的水平停滞状态,直到算 法结束也没有接近全局最优值。这是由于 PGABL 算法通过学习机制引导种群进化方向,该机制能够 使算法在进化前期很快接近全局最优值,但是进化 一段时间后,该算法的基因模式充满了不确定位, 使基因模式失去了引导作用,从而使 PGABL 算法 沦落为 SGA 算法,导致该算法在进化中后期经常陷 入局部最优值,难以收敛到全局最优值。而从 OWLMGA 算法的进化曲线可以看出,算法在整体 进化的过程中能够保持较快的收敛速度, 在较短的 进化代次内就能够收敛到全局最优解,进化前期, 进化曲线呈上升趋势快速接近全局最优解,表明该 算法能够不断寻得新的最优值,而在算法后期,该 算法出现多次短暂停滞并继续上升,表明该算法的 学习机制在算法中后期不会出现学习机制失效的 现象,仍能够发挥良好的作用。

Table 4	Comparis	on results of optimizing function	$f_{7} - f_{12}$
	表 4	f 7 - f 12 函数测试实验结果	

函数序号	收敛精度	测试算法	最优解	最优收敛代数	平均收敛代数	收敛次数	收敛率
	SMGA	4.437115612643			0	0	
	HGA	4.251633502049			0	0	
J 7	f 7 10^{0}	PGABL	33.28451511817			0	0
(D=10)		OWLMGA	0.354739683731	96	244	26	0.867
		SMGA	0.773745070097	341	389	4	0.133
C	0	HGA	0.547676519203	332	360	9	0.300
f 8	10°	PGABL	4.022332939182			0	0
(D=25)		OWLMGA	0.197288970775	61	166	29	0.967
		SMGA	8.498246597359	233	341	7	0.167
£.	1	HGA	9.687062380351	216	272	5	0.233
f 9	101	PGABL	11.62273912833			0	0
(D=25)		OWLMGA	0.526498870766	162	239	24	0.800
		SMGA	42.645741768362	144	238	8	0.267
£	2	HGA	17.759141989304	124	191	12	0.400
f 10	102	PGABL	578.34998328268			0	0
(D=20)		OWLMGA	0.7275971491971	53	86	29	0.967
	SMGA	1.94879774539e-05	88	122	23	0.766	
f	1.0-2	HGA	1.93843655394e-05	68	94	25	0.833
f 11	10^{-2}	PGABL	0.002392843877893	46	46	1	0.033
(D=35)	(D=35)	OWLMGA	8.65483329448e-06	13	23	30	1.000
		SMGA	0.000920688612433	85	126	9	0.300
£	-2	HGA	0.000319855802666	59	76	14	0.467
f 12	10^{-2}	PGABL	0.002142393917722	73	90	4	0.133
(D=50))	OWLMGA	3.66336783361e-05	31	55	30	1.000

3.4 计算复杂度分析

设种群数目为 M,种群大小为 N,染色体长度 为 L, 采用随机初始化方法(Random Initialization Method)产生多个种群,种群中任意个体的各基因位 取 1 或 0 的概率相等,即 p = q = 0.5,且各基因位之 间是独立的。采用随机初始化方法的时间复杂度与 种群规模有关。其中,M,N,L的数值越大,其计算 的时间复杂度O(MNL) 也就越大。而本文提出的初 始化方法,虽然在大规模样本下以海明距离为标准 选取个体,理论上计算的时间复杂度为O(iMNL), 其中, i 为样本比例的系数。但各种群的大小未变, 即初始化过程中不会用到超过种群大小或接近样 本规模数量的个体,因此本文初始化方法的实际时 间复杂度为O(MNL | iMNL),涉及上述参数的计算 对 MATLAB 软件来说计算量较小,且初始化行为只 会发生一次,不存在多次迭代,因此不会较明显的影 响运算速度。

数学模型的参数拟合决定了算法的时间复杂

度[5],OWLMGA 和对比算法(SMGA,HGA)采用了相 同种群规模,OWLMGA 提出的并行机制通过种群 分离控制不同进化功能,并且采用了改进的进化策 略及调整种群的进化策略,但是上述行为不会使并 行机制发生更深层的循环。而本文选取的另外两种 对比算法(HGA,PGABL)分别采用了爬山法和线性 的学习机制。前者对遗传算法的每代寻优结果使用 爬山法进行局部搜索,在遗传算法的计算复杂度基 础上多了爬山法的内层循环,使得该算法的时间复 杂度较高。后者所使用的学习机制由于其参数设置 的不合理使得学习机制在算法中后期的操作频率 越来越高,增加了算法的时间复杂度。相比之 下,OWLMGA 中的学习机制是作为并行机制的附 加模块参与计算,与遗传操作处于同一迭代次数,近 似为一种线性的关系,使得 OWLMGA 基本运算的 频度与 SMGA 相同,没有过多地增加算法的时间复 杂度。此外,学习机制中的局部搜索策略虽然对淘汰 个体及其非确定位进行了循环搜索,但由于自适应 的 H_e 与 P_e 的存在,使得每代参与计算的非确定位基因的数目 I 和被淘汰个体的数目 n 小于染色体长

度 L 和种群大小 N ,增加的计算量有限。

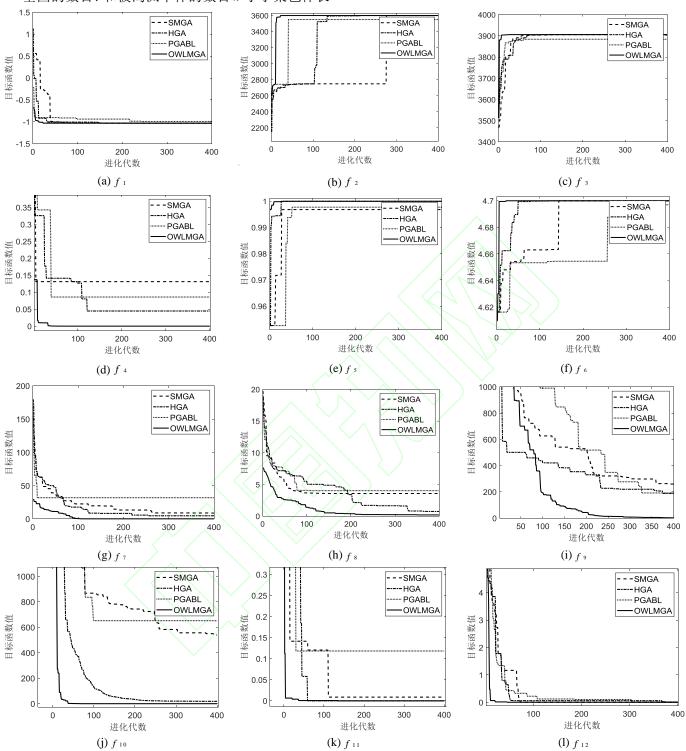


Fig.6 Comparison of the optimum curves of algorithms

图 6 算法寻优曲线对比图

4 结论

通过介绍相关研究并结合分析遗传算法易"早熟"收敛及收敛速度慢等缺点产生的原因,指出现有方法的不足之处及缺陷。本文在前人研究基础上,秉着充分发挥遗传算法优点,克服遗传算法的不足的思路,提出了均匀分区的多种群初始化方法,改

进的多种群并行机制及动态控制的学习机制,并融合上述改进形成一种新的混合遗传算法。

最后实验结果证明,改进的多种群并行机制和 最优权动态控制学习机制天然具有良好的沟通能 力,两种机制结合起来充分发挥了每个机制的优势, 增强了算法的全局搜索能力和局部搜索能力。

References:

[1]Mirjalili S, Mirjalili, Seyed M, et al. Grey wolf Optimizer[J].

Advanced in Engineering Software. 2014,69(3):46-61.

[2]HE J F, FU Z, YI S L. Image segmentation with Multi-threshold of Grau-Level& Gradient-Magnitude Entropy Based on Genetic Algorithm[J]. Journal of Frontiers of Computer Science and Technology. 2015,9(8):995-1003.

贺建峰,符增,易三莉,等.基于遗传算法的灰度-梯度熵多阈值 图像分割[J].计算机科学与探索, 2015,9(8):995-1003.

[3]JIANG X K, FAN Y Q, WANG W. Neural Network Camera Calibration Based on Particle Swarm Optimization Genetic Algorithm[J]. Journal of Frontiers of Computer Science and Technology. 2014,8(10):1254-1262.

江祥奎,范永青,王婉.基于粒子群遗传算法的 BP 神经网络摄像机标定[J]. 计算机科学与探索, 2014,8(10):1254-1262.

[4]MI A Z, LU Y. Classifier Selection Method with Hybrid Diversity Measure. Journal of Frontiers of Computer Science and Technology, 2018,12(9):1522-1530.

米爱中,陆瑶.使用混合差异性度量的分类器选择方法[J].计算机科学与探索, 2018,12(9):1522-1530

[5]ZHENG M, ZHUO M G, ZHANG S G, et al. Reconstruction for gene regulatory network based on hybrid parallel genetic algorithm and threshold value method[J]. Journal of Jilin University(Engineering and Technology Edition), 2017, 47(2): 624-631.

郑明, 卓慕瑰, 张树功,等. 基于混合并行遗传算法和阈值限定法的基因调控网络构建[J]. 吉林大学学报(工学版), 2017,47(2):624-631.

[6]WANG M, TAN Y S. Emergency Dispatch of Network Public Resources on Cloud Computing Platform[J]. Computer Simulation, 2018,35(2):371-374.

王猛,谭跃生.云计算平台网络公共资源应急调度仿真研究[J]. 计算机仿真, 2018,35(2):371-374. [7]LIU Z H, XUE Y, ZHOU C, et al. Population Initialization Improvement of Robot Path Planning Based on Genetic Algorithm[J]. Machine Tool&Hydraulics. 2019, 47(21): 5-8. 刘志海,薛媛,周晨,等.基于遗传算法的机器人路径规划的种群初始化改进[J].机床与液压. 2019,47(21):5-8.

[8]GUO X J , GUO C X, BAI L J. Improved genetic algorithm using semi-initialization and probabilistic sidturbance strategy[J]. Application Research of Computers, 2019, 36(12): 3670-3673.

郭晓金,郭彩杏,柏林江.采用半初始化和概率扰动策略改进的遗传算法[J].计算机应用研究. 2019,36(12):3670-3673.

[9]PEI X B , ZHANG C H. An imrpoved puzzle-based genetic algorithm for solving permutation flow-shop scheduling problems[J]. CAAI Transactions on Intelligent Systems, 2019,14(3):541-550.

裴小兵,张春花.应用改进区块遗传算法求解置换流水车间调度问题[J].智能系统学报. 2019,14(3):541-550.

[10]Dong L L, GONG G H, Li Ni, et al. Adaptive parallel simulated annealing genetic algorithms based on cloud models[J]. Journal of Beijing University of Aeronautics and Astronautics. 2011,37(9):1132-1136.

董丽丽, 龚光红, 李妮,等. 基于云模型的自适应并行模拟退火遗传算法[J]. 北京航空航天大学学报, 2011, 37(9): 1132-1136.

[11]ZHOU Y, Zhou L S, WANG Y, et al. Application of Multiple-Population Genetic Algorithm in Optimizing the Train-Set Circulation Plan Problem[J]. Complexity, 2017,2017. [12]Hinton G E, Nowlan S J. How learning can guide evolution[J]. Complex Systems. 1987,1(43): 495-502.

[13]TANG W B, CHEN Y N, ZHANG M. An Energy Balanced Routing Algorithm with Simplex Method[J]. Computer Technology and development. 2019,29(3):55-59.

汤文兵, 陈亚楠, 张牧. 一种引入单纯形法的能量均衡路由算法[J]. 计算机技术与发展, 2019,29(3):55-59.

[14]YU X M, SUN X H, LIU L P, et al. A phase unwrapping algorithm based on improved stimulated annealing genetic algorithm for interferometric sar[J]. Computer Applications and Software. 2016,33(10):230-246.

于向明, 孙学宏, 刘丽萍. 基于改进模拟退火遗传算法的 INSAR 相位解缠算法[J]. 计算机应用与软件. 2016, 33(10): 230-233.

[15]ZHANG G J, WU Z H, LIU X Y. Parallel genetic algorithm based on learning mechanism[J]. Computer Applications. 2005, 25(2): 374-376.

张桂娟, 武兆慧, 刘希玉. 一种基于学习机制的并行遗传算法[J]. 计算机应用. 2005,25(2):374-376.

[16]HE W W, WANG J L, HU L S. The improvement and application of real-coded multiple-population genetic algorithm[J]. Chinese Journal of Geophysics. 2009, 52(10): 2644-2651.

何委微, 王家林, 胡龙胜. 实数编码多种群遗传算法的改进及应用[J]. 地球物理学报. 2009,52(10):2644-2651.

[17]LI L Y, TANG Y B, LIU J X, et al. Application of the Multiple Population Genetic Algorithm in Optimum Design of Air-core Permanent Magnet Linear Synchronous Motors[J]. Proceedings of CSEE, 2013,33(15):69-77.

李立毅, 唐勇斌, 刘家曦,等. 多种群遗传算法在无铁心永磁直线同步电机优化设计中的应用[J]. 中国电机工程学报, 2013,33(15):69-77.

[18]Holland J H. Adaptation in Natural and Artificial

Systems:An Introductory Analysis with Applications to Biology,Control and Artificial Intelligence,2nd edition[J]. Cambridge: MIT Press, 1992.

[19]MA H W, CHEN F S. Optimal Arrangement of Dampers Based on Coarse-Grained Parallel Genetic Algorithm[J]. Journal of South China University of Technology(Natural Science Edition), 2019,47(11):104-111.

马宏伟,陈丰收.基于粗粒度并行遗传算法的阻尼器优化布置 [J].华南理工大学学报(自然科学版), 2019,47(11):104-111.

[20]YANG J S, WANG Y, LI J, et al. Solving Intuitionistic Fuzzy Multi-objection Programming by Improved Genetic Algorithm[J]. Journal of Detection & Control, 2017, 39(5): 96-101.

杨进帅, 王毅, 李进, 等. 求解直觉模糊多目标规划的改进遗传算法[J]. 探测与控制学报, 2017,39(5):96-101.

[21]Henrique Pires Corrêa, Rafael Ribeiro de Carvalho Vaz, Flávio Henrique Teles Vieira, et al. Reliability Based Genetic Algorithm Applied to Allocation of Fiber Optics Links for Power Grid Automation[J]. Energies, 2019,12,2039.

[22]Xiao J, PACHL J, LIN B L, et al. Solving the block-to-train assignment problem using the heuristic approach based on the genetic algorithm and tabu search[J]. Transportation Research Part B Methodlogical. 2018:148-171.



PAN Jiawen was born in 1994. He is a student at School of Kunming University of Science and Technology. His research interest is computational intelligence.

潘家文(1994-), 男, 山东人, 昆明理工大学信息工程与自动化学院学生,主要研究领域为计算智能。



QIAN Qian was born in 1981. He received the Ph.D degree from Kochi University of Technology in japan in 2011. Now he is assistant professor at Kunming University of Science and Technology. His research interest include computational intelligence and Visual Cognition.

钱谦(1981-), 男, 云南人, 2011年于日本高知工科大学获得博士学位, 现为昆明理工大学计算机系副教授,主要研究领域为计算智能与视觉认知。



FU Yunfa was born in 1968. He received the Ph.D degree from Chinese Academy of Sciences in 2012. Now he is professor at Kunming University of Science and Technology. His research interest include brain information processing and theory of brain computer interface.

伏云发(1968-),男, 云南人,2012 年于中国科学院获得博士学位, 现为昆明理工大学计算机系教授, 主要研究领域为脑信息处理与脑机接口理论。



FENG Yong was born in 1975. He received the Ph.D degree from University of Electronic Science and Technology of china in 2011. Now he is professor at Kunming University of Science and Technology. His research interest include block chain and Vehicular ad-hoc network.

冯勇(1975-),男,云南人,2011年于电子科技大学获得博士学位,现为昆明理工大学计算机系教授,主要研究领域为区块链和车载自组织网络。