

变焦佳点集遗传算法

彭 勇^{1,2} 林 浒¹ 卜霞菲^{1,2}

(中国科学院沈阳计算技术研究所 沈阳 110171)¹ (中国科学院研究生院 北京 100039)²

摘 要 通过使用数论佳点集理论与方法构造出佳点交叉算子,佳点集遗传算法(GGA)具有更快的收敛速度和精度,且避免了常见的早期收敛现象,但是二进制编码的佳点集遗传算法在位串长度确定的情况下无法克服二进制与实数之间的映射误差。针对二进制编码遗传算法存在从最高位到最低位依次收敛的多米诺现象,提出含有变焦因子的佳点集遗传算法来变相增加位串编码长度以期缩小该映射误差,提高搜索效率和求解精度。通过不同维数下的 Benchmark 测试函数的仿真结果表明,改进的算法具有全局收敛、求解精度和搜索效率高的优点。

关键词 佳点集,遗传算法,变焦算法,函数优化

中图法分类号 TP18 文献标识码 A

Good Point Set Genetic Algorithm with Zooming Factor

PENG Yong^{1,2} LIN Hu¹ PU Xiao-fei^{1,2}

(Shenyang Institute of Computing Technology, Chinese Academy of Sciences, Shenyang 110171, China)¹

(Graduate University, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100039, China)²

Abstract Good point set genetic algorithm has superiority in convergence speed, accuracy and overcome premature effectively by using the good point operator which is based on the principle of set in number theory. However, when the length of chromosome is fixed, the discretization error is inevitable. Aiming at the domino phenomenon of convergence from the highest position to lowest position of binary coding in good point set genetic algorithm, a zooming factor was proposed to lengthen the length of chromosome indirectly to minimize the discretization error, so the search efficiency and solution accuracy are improved as a result. The simulation results based on Benchmark test function of different dimensions verify that the proposed good point set algorithm with zooming factor has the advantage of global convergence, high precision solution and search efficiency.

Keywords Good point set, Genetic algorithm, Zooming algorithm, Function optimization

进化算法(EAs)是一种模拟自然进化过程的全局优化算法。作为进化计算方法中的一种,遗传算法同传统的优化算法相比,对优化目标函数的形态,如可导、连续性等没有要求,其适用范围广,鲁棒性强,易于编码实现和并行化,已经成功地应用于解决各种优化问题。近年来,对遗传算法理论及其在优化问题中的应用一直是研究的热点,针对该领域存在的诸多问题,提出了一系列性能优秀的进化算法,佳点集遗传算法就是其中的一种。2001年,张铃和张钹老师基于数论佳点集理论与方法,将实分圆域均匀分布的佳点映射到求解问题的搜索空间,使得所构造的个体能在搜索空间内均匀分布,比采用随机方式更加均匀,并在二进制编码条件下构造了佳点交叉算子,进而诞生了“佳点集”遗传算法,为遗传算法的理论研究开辟了一条新的路径^[1]。为了增强佳点集遗传算法的普适性,肖赤心提出了一种实数域下的佳点交叉算子,并将其用来解决约束优化进化问题和神经网络的前端处理算法^[2,3],取得了满意的结果。佳点集遗传算法由于具有收敛速度快、精度高等特点而得到广泛关注,并成功地运用于解决不同领

域的优化问题^[4-6]。

对于二进制编码的遗传算法,如果位串长度固定,由于不可避免地存在实数域(问题的求解域)到二进制域的映射误差,因此即使遗传算法能够搜索到最优的二进制模式串,也将因为映射误差的存在而损失精度;并且,如果目标函数对这种“损失”是敏感的,那么算法的精度就会大打折扣。然而,二进制遗传算法具有一个共同的特点:最高位先收敛,其次是次高位,第三位等依次收敛,也即“多米诺现象”。这就使得在使用定长染色体编码时可以通过变焦算法来提高遗传算法的搜索效率和解的精度^[7]。本文将变焦因子嵌入佳点集遗传算法,构造了均匀的初始化种群。改进的算法具有更快的收敛速度和更高的解精度,适合于实际求解工程问题。通过对函数优化问题的仿真测试,并和已有的算法进行比较,结果表明本文提出的改进算法是有效的。

1 佳点集遗传算法

1.1 佳点集基本定义与性质

收稿日期:2009-12-02 返修日期:2010-03-05 本文受中国科学院知识创新工程重要方向性项目(No. KG CX2-YW-119)资助。

彭 勇(1985—),男,硕士生,主要研究方向为计算智能、智能信息处理,E-mail:pengyong@mail.ustc.edu.cn;林 浒(1955—),男,研究员,博士生导师,主要研究方向为智能控制、数控技术等;卜霞菲(1983—),女,硕士生,主要研究方向为数控技术。

(1) 设 G_s 是 S 维欧氏空间的单位立方体, 即 $x \in G_s, x = (x_1, x_2, \dots, x_s)$, 其中 $0 \leq x_i \leq 1, i = 1, 2, \dots, s$ 。

(2) $P_n(i) = \{(x_1^{(n)}(i), x_2^{(n)}(i), \dots, x_s^{(n)}(i)), 1 \leq i \leq n\}$ 为 G_s 中含 n 点的点集, 其中 $0 \leq x_i \leq 1, i = 1, 2, \dots, s$ 。

(3) 对 G_s 中的点 $r = (r_1, r_2, \dots, r_s)$, 令 $N_n(r_1, r_2, \dots, r_s)$ 表示 $P_n(i)$ 中满足 $0 \leq x_i^{(n)}(k) \leq r_i, i = 1, 2, \dots, s$ 的点的个数。

记 $\varphi(n) = \sup_{r \in G_s} \left| \frac{N_n(r)}{n} - |r| \right|$, 其中 $|r| = r_1 r_2 \dots r_s$, 则称点集 P_n 有偏差 $\varphi(n)$ 。

若对任意 n , 均有 $\varphi(n) = o(1)$, 则称 $P_n(i)$ 在 G_s 上是一致分布且偏差为 $\varphi(n)$ 。

(4) 令 $r \in G_s$, 形为 $P_n(i) = \{(r_1 \times i, r_2 \times i, \dots, r_s \times i), i = 1, \dots, n\}$ 的偏差 $\varphi(n)$ 满足 $\varphi(n) = C(r, \epsilon) n^{-1+\epsilon}$, 其中 $C(r, \epsilon)$ 是只与 r, ϵ 有关的常数, ϵ 为任意小的正数, 则称 $P_n(i)$ 为佳点集, r 为佳点。

(5) 取 $r_k = 2\cos(2\pi k/p), 1 \leq k \leq s, p$ 是满足 $(p-3)/2 \geq s$ 的最小素数, 则 r 为佳点。取 $r_k = e^k, 1 \leq k \leq s$, 则 r 也是佳点(分圆域)。

定理 1 令 $P_n(i) (i = 1, \dots, n)$ 具有偏差 $\varphi(n), f \in B_s$, 则 $\left| \int_{G_s} f(x) dx - \frac{1}{n} \sum_{k=1}^n f(P_n(k)) \right| \leq V(f) \varphi(n) (*)$, 其中 B_s 为 s 维面变圆类, $V(f)$ 是 f 的全变差。

定理 2 若 $(*)$ 对所有 $f \in B_s$ 都成立, 则 $P_n(i) (i = 1, \dots, n)$ 为有偏差不超过 $\varphi(n)$ 的点集。

定理 3 若 $f(x)$ 满足 $|f| \leq L, \left| \frac{\partial f}{\partial x_i} \right| \leq L (i = 1, \dots, s)$, $\left| \frac{\partial^2 f}{\partial x_i \partial x_j} \right| \leq L (1 \leq i \leq j \leq s), \dots, \left| \frac{\partial^s f}{\partial x_1 \dots \partial x_s} \right| \leq L$, 用给定的 n 点的函数值构成的任何加权和来近似计算函数 $f|x|$ 在 G_s 上的积分, 误差都不能希望比 $O(n^{-1})$ 更小。这个性质正是上面点集称为“佳点集”的由来。

因此, 使用佳点集来进行近似积分, 误差的阶仅与 n 有关, 而与空间的维数 s 无关, 这对高维的近似计算提供了一个非常优越的算法。若限定取 n 点, 用这些点的函数值线性组合来近似对应的积分值, 佳点集方法提供了一个最好的方法。

钟开莱、Kiefer 定理^[8]提供了为什么用佳点集法能够更快收敛的理论依据。

1.2 佳点集遗传算法

张铃老师提出的经典佳点集遗传算法是在简单遗传算法中使用经佳点思想改造过的“佳点交叉算子”, 在收敛性和解的精度方面均取得了很好的效果。

这里继续利用佳点思想引入佳点交叉算子, 并提出两点改进: 一是利用佳点集思想构造均匀的初始群, 以克服随机法生成种群的不确定性; 另一点就是利用混合遗传算法交叉思想改造交叉过程, 以期克服经典佳点集遗传算法交叉过程中染色体数目减少的不足^[1,9]。

编码和初始种群设计: 设种群规模为 N 的染色体集合为 $A, A_N^i = \{a_1^i, a_2^i, \dots, a_s^i\}, i = 1, \dots, N$ 。首先在 S 维欧氏空间 H 中取 N 点的佳点集 $P_N(i) = \{r_1 \times i, r_2 \times i, \dots, r_s \times i\}, i = 1, \dots, N$, 其中 $r_k = \{2\cos(2\pi k/p)\}, 1 \leq k \leq s, p$ 是满足 $(p-3)/2 \geq s$ 的最小素数, $\{a\}$ 表示 a 的小数部分。

根据实际问题的不同, 可选的编码方式有 3 种:

(1) 当 $a_k^i (k = 1, 2, \dots, s, i = 1, \dots, N)$ 为一位二进制时, 取 $a_k^i = [\{r_k \times i\}], [a]$ 表示 a 的小数部分小于 0.5 时取 0, 否则

取 1;

(2) 当 $a_k^i (k = 1, 2, \dots, s, i = 1, \dots, N)$ 为 m 位二进制时, 取 $a_k^i = \alpha_k + \{r_k \times i\} \times (\beta_k - \alpha_k)$, 这里 $\alpha_k \leq a_k^i \leq \beta_k$, 然后根据二进制编码方法将 a_k^i 映射为二进制;

(3) 当 $a_k^i (k = 1, 2, \dots, s, i = 1, \dots, N)$ 为实数编码时, 取 $a_k^i = \alpha_k + \{r_k \times i\} \times (\beta_k - \alpha_k), \alpha_k \leq a_k^i \leq \beta_k$ 。

下面是用佳点集法和随机法生成的初始种群均匀性对比, 佳点集法优势很明显, 如图 1 和图 2 所示。

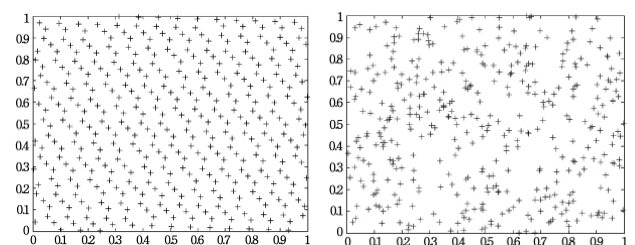


图 1 佳点集法生成 $N=400$ 的二维种群分布 图 2 随机法生成 $N=400$ 的二维种群分布

交叉算子设计: 对染色体池中的每个染色体 $A_i (1 \leq i \leq N)$, 随机产生另一染色体 $A_j (1 \leq j \leq N \text{ 且 } i \neq j \text{ 且 } mode(i) \neq mode(j))$ 作为与 A_i 交配的父本, 若 $A_i = \{a_1^i, a_2^i, \dots, a_s^i\}$ 且 $A_j = \{a_1^j, a_2^j, \dots, a_s^j\}, J$ 是 A_i 和 A_j 的分量不同位置集合 $J = \{t | a_t^i \neq a_t^j, 1 \leq t \leq L\}$ 。记 J 的元素为 $t_1, t_2, \dots, t_s$, 且 $t_1 < t_2 < \dots < t_s$, S 维空间取佳点 $P_N(i) = \{r_{t_1} \times i, r_{t_2} \times i, \dots, r_{t_s} \times i\}, i = 1, \dots, N, r_{t_k} = \{2\cos(2\pi k/p)\}, 1 \leq k \leq s, p$ 是满足 $(p-3)/2 \geq s$ 的最小素数, $\{a\}$ 表示 a 的小数部分。

令 $B_k = \{b_1^k, b_2^k, \dots, b_L^k\}$ 为交叉后产生的子代染色体, 则

$$b_m^k = \begin{cases} a_m^i, & m \notin J \\ [\{r_{t_j} \times k\}], & m = t_j \in J \end{cases}$$

式中, $k = 1, \dots, N, m = 1, \dots, L, j = 1, \dots, s$ 。

简单来说, 佳点交叉算子的意义在于: 子代保持双亲共同的基因(认为双亲在同一基因位上持有的相同基因为优秀基因), 不同的基因将由取佳点法产生, 使得子代能更好地继承父代的优秀特征。

佳点交叉算子使得产生的新个体在局部搜索空间呈均匀分布, 但是如果单位空间内的个体太稀疏(与种群规模设置有关), 搜索效率就不明显。实验证明, 单纯采用佳点交叉算子在搜索空间较大而个体较稀疏的情况下效果并不理想^[2]。那么, 如何有效地缩小搜索空间, 从而相对增加个体的分布密度, 显得很重要。这里, 引入改进的预交叉算子(pre-cross-over operator), 对选中父代双亲 P_1, P_2 进行预交叉, 并产生两个中间个体 $Temp_{p_1}, Temp_{p_2}$ 作为交叉算子的输入。经过预交叉算子的改造, 由中间个体 $Temp_{p_1}$ 和 $Temp_{p_2}$ 之间的相同维(这里的维数取决于实际优化问题的变量数目, 如对单变量问题维数为 1)决策变量所确定的长度空间是原个体决定的 P_1 和 P_2 所确定空间的 $1/2$ (即在下面的算法中, 参数 r 取 0.5)。预交叉算子执行过程如下:

Function $[Temp_{p_1}, Temp_{p_2}] = \text{pre-cross-over}(P_1, P_2) // P_1, P_2$ 是从染色体池中选中的待交叉双亲, 维数为 $s, P_1, P_2, Temp_{p_1}$ 和 $Temp_{p_2}$ 可分别表示为 $(x_1^{P_1}, x_2^{P_1}, \dots, x_s^{P_1}), (x_1^{P_2}, x_2^{P_2}, \dots, x_s^{P_2}), (x_1^{Temp_{p_1}}, x_2^{Temp_{p_1}}, \dots, x_s^{Temp_{p_1}})$ 与 $(x_1^{Temp_{p_2}}, x_2^{Temp_{p_2}}, \dots, x_s^{Temp_{p_2}})$ 。

For $i = 1$ to 个体的维数 s Do

$$x_i^{Temp_{p_1}} = r \times x_i^{P_1} + (1-r) \times x_i^{P_2};$$

```

If rand>0.5
     $x_i^{Temp2} = x_i^{p1}$ ;
Else
     $x_i^{Temp2} = x_i^{p2}$ ;
End If
End For
End

```

针对二进制编码,预交叉算子在进行操作的时候增加两步:从二进制到实数的映射和逆映射。这个过程相对简单,不会影响算法复杂度。由此,整个交叉过程如图3所示。

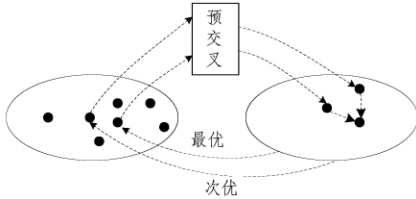


图3 交叉算子执行过程

2 变焦算法

基于二进制编码的佳点集遗传算法解的收敛性遵从“多米诺”规律,即从高位到低位依次收敛,那么进化算法在迭代过程中,高 $n(1 \leq n \leq \text{length}(\text{chromosome}))$ 位出现某个一致模式(不妨用 mode_for_zoom 表示相同的高位基因)的染色体数目将越来越多。当数目占种群规模达到一定比例时,可以认为最优解个体的高 n 位属于该模式。这时,如果种群继续在全部区间内搜索,那么既不能提高解的表示精度,也不能提高搜索效率,同时这种搜索也是对资源的浪费。这时,为遗传算法加入变焦因子,将相同的高位基因 mode_for_zoom 取出,带入解码公式,并给染色体补充新的基因,使得在染色体位串长度不变的情况下能提高算法的解的精度和搜索效率。

下面简单介绍变焦算法的过程。

定义1 $\{0,1,*\}^l$ 每个字符串称为 $\{0,1\}^l$ 的一个模式。

例如:01**1是 $\{0,1\}^5$ 的一个模式,将*换成0或1后所得01001,01011,01101,01111是与这个模式相匹配的样本,所以模式描述了一些(0,1)字符串在结构上的相似性。

定义2 模式 H 从左起连续有 p 个确定位,则把此模式称为 $H^p(S)$, S 表示 p 个确定的位串, l 表示位串的总长度。

例如:位串1101***属于 $H^4(1101)$,*表示待定位(可以是0或1),1101表示确定的位串。

为表达方便,不失一般性,假设问题空间中变量 x 数值区间为 $[a,b]$, x 的编码为二进制位串,即 $x = h_l h_{l-1} \dots h_2 h_1$,将每个位串的 l 个位置从右到左依次称为第1位、第2位、...、第 l 位,在标准遗传算法中 x 的解码公式为

$$x = a + \left(\sum_{i=1}^l h_i 2^{i-1} \right) \frac{b-a}{2^l - 1}$$

表示精度为 $\frac{b-a}{2^l - 1}$ 。当 h_l 位数值发生改变时,表示问题空间的一次迁徙。明显地,迁徙距离为

$$\frac{2^{l-1}}{2^l - 1} (b-a)$$

若高 p 位已确定,那么最优解的范围即可大致确定。设 $p=3$,且 $H^p(S) = H^3(001) = 001***$,那么 x 的范围将确定在001~010,如图4所示。

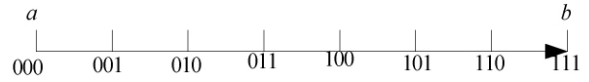


图4 寻优区间分解

若最优解位于001~010之间,那么表示最优解 x^* 的模式为 $H^3(001)$ (称为左模式^[10])。这样,遗传算法经过多次迭代以后,适应度最大的个体将属于左模式。陆续地,适应度次高、第三高...的个体也将属于左模式。若将种群中个体按照适应度从高到低排列,则排在最前面且属于左模式的个数 $M(\text{gen})$ 将随着迭代次数 gen 的增加而增加。当 gen 达到或超过门限 K 且 $M(\text{gen})$ 占种群规模 N 的比例超过 α (α 为阻尼因子)时,根据模式定理,个体适应度较高且属于左模式的个体将随着迭代次数的增加而增多,基本上可以断定最优解在001~010之间。此时若继续在整个 $[a,b]$ 区间搜索,既不能提高解的表示精度,也不能提高搜索效率,同时这种搜索也是对资源的浪费。

当断定最优解属于模式 $H^p(S)$ 时,可以实行变焦,其目的在于把 x 的搜索范围缩小为原来的 $1/2^p$ 。具体操作过程为:选择最优的 βN (β 称为吐故纳新率^[10], $0 < \beta < \alpha$),并将这些个体的相同最高 p 位基因存储到编码公式中,其余各位的基因左移 p 位,用随机数填满空出的位置。

随着变焦因子的引入,势必导致原先解码公式的改变,这里将给出最一般情况下,也即进行 i 次变焦后的解码公式。关于解码前后数值的对应性,刘守生等已经在文献[10]中给出了证明,不再赘述。

设 $H^p(S)$ 为变焦的模式,则待变焦的 βN 个个体的最高 S 位相同。设第 i 次变焦前,待变焦的模式也即最优个体的前 p_i 位中第 j 位的基因记为 $S_{i,j}(j=l, l-1, \dots, l-p_i+1)$,其中 p_i 表示第 i 次变焦的位数。并设 $Q_{i,k}$ 为第 i 次变焦后个体在第 k 位上的基因。

那么,经过一次变焦之后,解码公式为

$$x = a + \left(\sum_{j=1}^{p_1} S_{1,l-j+1} 2^{l-j} \right) \frac{b-a}{2^{p_1} - 1} + \left(\sum_{k=1}^l Q_{1,k} 2^{k-1} \right) \frac{b-a}{2^{p_1} (2^l - 1)}$$

经过 i 次变焦之后(变焦位数小于等于 l),解码公式为

$$x = a + \frac{b-a}{2^l - 1} \left(\sum_{j=1}^{p_1} S_{1,l-j+1} 2^{l-j} + \sum_{j=1}^{p_2} S_{2,l-j+1} 2^{l-p_1-j} + \dots + \sum_{j=1}^{p_i} S_{i,l-j+1} 2^{l-\sum_{m=1}^{i-1} p_m-j} \right) + \left(\sum_{k=1}^l Q_{i,k} 2^{k-1} \right) \frac{b-a}{2^{\sum_{m=1}^i p_m} (2^l - 1)}$$

如果变焦位数大于 l ,解码公式为

$$x = a + \frac{b-a}{2^{\sum_{m=1}^i p_m} - 1} \left(\sum_{j=1}^{p_1} S_{1,l-j+1} 2^{l-j} + \sum_{j=1}^{p_2} S_{2,l-j+1} 2^{l-p_1-j} + \dots + \sum_{j=1}^{p_i} S_{i,l-j+1} 2^{l-\sum_{m=1}^{i-1} p_m-j} \right) + \left(\sum_{k=1}^l Q_{i,k} 2^{k-1} \right) \frac{b-a}{2^{\sum_{m=1}^i p_m} (2^l - 1)}$$

可以看出,经 i 次变焦以后, x 的精度为 $\frac{b-a}{2^{\sum_{m=1}^i p_m} (2^l - 1)}$ 。

也就是说,变焦因子能够使得在保持个体位串长度不变的前提下大幅提高解的精度。

3 变焦佳点集遗传算法

近年来,变焦算法已经被大量用来提高基于二进制编码

条件进化算法的收敛速度和解的精度,取得了良好的效果^[10-12]。

在佳点集遗传算法中嵌入变焦因子,可以进一步改善其收敛性能,提高解的精度。算法流程如图 5 所示。

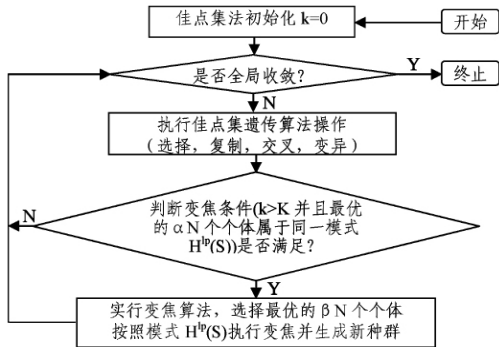


图 5 变焦佳点集遗传算法流程

根据变焦因子的特点,合理选择变焦参数 K, α 和 β 对算法取得预期效果显得很重要^[7]。 K 和 α 用来保证最优解和种群中最优的 αN 个个体属于同一个模式,如果 K 和 α 选择过大,搜索效率不高;如果选取过小,最优解和种群中的最优个体属于同一个模式的概率变小;当 $K \rightarrow +\infty$ 时,算法编程是纯粹的佳点集遗传算法,失去变焦的意义。变焦模式是由种群中最优的 αN 个个体决定的。参数 β 是用来保留种群的重要信息给下一代, β 过大,种群多样性变差; β 过小,使得不能很好地继承父代种群的有用信息。

4 算法测试

4.1 一维函数优化问题测试

选择文献[10]采用的两个测试函数。函数的描述如下:

- 1) $f_1(x) = |16 - (x - 6)^2 \sin x|, x \in [0, 16]$, 最优解为 $f_1(x^*) = 52.1666, x^* = 14.3717$;
- 2) $f_2(x) = |\cos(7\pi x)| - 2(x - 0.45)^2, x \in [0, 1]$, 最优解为 $f_2(x^*) = 0.9991, x^* = 0.4287$ 。

定义全局收敛标准:给定 ϵ ,在一定迭代次数内算法的收敛值 x 满足 $|x - x^*| \leq \epsilon$ 。 x^* 为全局最优解。

测试 1 取 $\epsilon = 0.01$,设定最大迭代次数为 100,通过 200 次实验,比较不同算法的收敛性。

测试 2 限定进化代数 15,通过 1000 次实验,比较不同算法解的精度。

为了能够在相同的实验条件下做比较,编码长度 l 和种群规模 N 以及 K, α 和 β 的选择与文献[10]保持一致。具体参数的选择如表 1 所列,其中 ZGGA 表示变焦佳点集遗传算法。

表 1 变焦佳点集遗传算法参数设置

函数	l	N	K	α	β
f_1	12	30	5	0.3	0.2
f_2	12	30	6	0.4	0.2

算法的测试结果如表 2 所列,其中 TGA 表示简单遗传算法^[10],ZGA 表示变焦遗传算法^[10](即每次实行变焦仅针对个体位串的最高位进行),EZGA 表示改进的变焦遗传算法^[11](即每次实行变焦的基因位数随种群实际情况而定),HA 表示 PBIL(Population-Based Incremental Learning)算法和变焦算法相结合的混合算法^[12]。

表 2 6 种算法的性能比较

函数	算法	平均进化代数	平均误差
f_1	TGA	95.00	0.1096
	ZGA	14.00	0.0091
	EZGA	9.57	0.0096
	PBIL	7.19	0.0017
	HA	5.51	0.0004
	ZGGA	3.78	0.00024
f_2	TGA	72.00	0.0265
	ZGA	9.00	0.0028
	EZGA	7.64	0.0002
	PBIL	6.30	0.0014
	HA	3.71	0.0012
	ZGGA	2.51	0.00012

实验结果表明,嵌入变焦因子的佳点集遗传算法在收敛速度和解的精度方面具有良好的效果。

4.2 多维函数优化问题测试

对于采用二进制编码的多维函数优化问题 $f = f(x_1, x_2, \dots, x_n) (x_i \in [a_i, b_i])$,其个体编码可采用累积二进制序列方式,即假设 x_i 由长度为 l_i 的位串 $h^i (h^i = h^i_{l_i} h^i_{l_i-1} \dots h^i_1)$ 表示,那么整个染色体 $(x_1, x_2, \dots, x_n)$ 就可以表示为

$$\underbrace{h^1_{l_1} h^1_{l_1-1} \dots h^1_1}_{h^1} \underbrace{h^2_{l_2} h^2_{l_2-1} \dots h^2_1}_{h^2} \dots \underbrace{h^n_{l_n} h^n_{l_n-1} \dots h^n_1}_{h^n}$$

对于多维变量函数的变焦问题,可对每个变量分别进行,其变焦过程完全类似于一维变量函数优化问题。

采用文献[12]的 4 个 Benchmark 测试函数,描述如下。

1) Goldstein-Price 函数

$$F_1(X) = [1 + (x_1 + x_2 + 1)^2 (19 - 14x_1 + 3x_1^2 - 14x_2 + 6x_1x_2 + 3x_2^2)] [30 + (2x_1 - 3x_2)^2 (18 - 32x_1 + 12x_1^2 + 48x_2 - 36x_1x_2 + 27x_2^2)], x_1, x_2 \in [-2, 2], \min F_1(X^*) = 3, X^* = (x_1, x_2) = (0, -1), \text{另有 3 个局部最小值。}$$

2) Generalized Rastrigin's 函数

$$F_2(X) = \sum_{i=1}^2 [x_i^2 - 10 \cos(2\pi x_i) + 10], x_i \in [-5, 12, 5.12], \min F_2(X^*) = 0, X^* = (x_1, x_2) = (0, 0)$$

3) Branin 函数

$$F_3(X) = [x_2 - \frac{5.1x_1^2}{4\pi^2} + \frac{5x_1}{\pi} - 6]^2 + 10 (1 - \frac{1}{8\pi}) \cos(x_1) + 10, x_1 \in [-5, 10], x_2 \in [0, 15], \text{有 3 个全局最小值点 } 0.397887, \text{位于 } (-\pi, 12.275), (\pi, 2.275), (9.42478, 2.475)。$$

4) Six-Hump Camel-Back 函数

$$F_4(X) = 4x_1^2 - 2.1x_1^4 + x_1^6/3 + x_1x_2 - 4x_2^2 + 4x_2^4, x_i \in [-5, 5], \text{最优解为 } F_4(X^*) = -1.0316285, \text{位于 } (-0.08983, 0.7126) \text{ 或 } (0.08983, -0.7126)。$$

为了与现存算法进行比较,采用与文献[12]相同的变焦参数,具体设置如表 3 所列。

表 3 多维优化时变焦佳点集遗传算法参数设置

函数	l	N	K	α	β
F_1	2×10	200	15	0.2	0.2
F_2	2×10	300	10	0.2	0.2
F_3	2×10	300	10	0.2	0.2
F_4	2×10	200	15	0.4	0.2

注: 2×10 表示两个变量,每个 10 位二进制。

其中,遗传算法的参数设置为 $P_c = 0.7, P_m = 0.2$ 。按照上面的参数设置,分别考查迭代 50,100,150 次后的函数最优

解。独立实验 400 次,统计各测试函数最优解的平均值和均 方差。算法测试结果如表 4 所列。

表 4 F_1-F_4 测试结果比较

函数	算法	50 代		100 代		150 代	
		平均值	标准差	平均值	标准差	平均值	标准差
F_1	SGA	3.006434	0.007541	3.002825	0.001811	3.002421	0.001505
	PBIL	3.005344	0.012106	3.001698	0.001200	3.001482	0.000083
	HA	3.002640	0.010092	3.000351	0.000086	3.000180	0.000081
	ZGGA	3.000511	0.000844	3.000122	0.000228	3.000106	0.000209
F_2	SGA	0.405214	0.467302	0.175843	0.365421	0.129471	0.360112
	PBIL	0.076910	0.156852	0.014467	0.096639	0.013453	0.044980
	HA	0.066072	0.151419	0.010039	0.050440	0.005614	0.003781
	ZGGA	0.007553	0.003052	0.004001	0.0035955	0.002516	0.003142
F_3	SGA	0.410754	0.004207	0.398527	0.001516	0.398120	0.000412
	PBIL	0.398072	0.000192	0.398019	0.000227	0.397992	0.000085
	HA	0.397921	0.000096	0.397895	0.000008	0.397893	0.000007
	ZGGA	0.397909	0.000063	0.3978926	0.0000076	0.3978919	0.0000003
F_4	SGA	-1.021417	0.018181	-1.023124	0.017210	-1.024911	0.013507
	PBIL	-1.030294	0.004376	-1.030631	0.002650	-1.030782	0.002800
	HA	-1.030852	0.002500	-1.031458	0.001648	-1.031612	0.000143
	ZGGA	-1.031395	0.000476	-1.031498	0.000269	-1.031580	0.000052

从测试结果知,嵌入变焦因子的佳点集遗传算法在收敛速度和解的精度方面明显优于目前各算法。与 PBIL 算法相比,ZGGA 算法无需通过复杂的测试来选择相关参数^[12],鲁棒性较强。对测试函数 F_4 ,ZGGA 算法在 150 次迭代时性能稍弱于 HA 算法,但是解的稳定性很好。

函数 F_4 在区间内部较小区域内拥有多个局部最小值点,这就要求算法在迭代过程中要有足够的能力跳出局部最优解,从而避免早熟现象。可能的做法就是利用佳点集遗传算法的快速收敛性,提高变焦的频率。另外建立合适的适应度函数,使不同的解之间拥有较高的区分度,也是很重要的^[13]。为此经多次实验,重新设置进化参数如表 5 所列。函数 F_4 在修订的参数下测试结果如表 6 所列。实验证明,新的参数设置是有效的。

表 5 测试函数 F_4 优化参数设置

函数	P_c	P_m	f	α	β
F_4	0.8	0.1	$\frac{2}{F+1-\min(F)}$	0.18	0.18

注: $\min(F)$ 表示每代中最小的目标函数值。

表 6 函数 F_4 测试结果

	50 代	100 代	150 代
平均值	-1.031561	-1.031601	-1.031608
标准差	0.000081	0.000038	0.000021

结束语 佳点集理论提供了一种在解空间均匀取点的方法,并且佳点集的构造具有与空间维数无关的优秀性质,以此形成的佳点集遗传算法相对传统遗传算法具有收敛速度快和精度高等特点。变焦算法针对二进制进化计算中存在的“多米诺现象”,能够在保持串长不变的条件下,不断地存储迭代信息,明显地提高了收敛速度和解的精度。本文将二者结合起来,提出了一种带有变焦因子的佳点集遗传算法。实验结果表明,该算法具有全局收敛、收敛速度快速和解的精度高等优点,是一种求解高精度优化问题的理想算法。

参 考 文 献

[1] 张铃,张钊. 佳点集遗传算法[J]. 计算机学报,2001,24(9):917-922

[2] 肖赤心,蔡自兴,王勇,等. 一种基于佳点集原理的约束优化进化算法[J]. 控制与决策,2009,24(2):249-253

[3] 肖赤心,蔡自兴,王勇. 高维进化策略调整神经网络结构和参数[J]. 小型微型计算机系统,2008,29(12):2313-2318

[4] 彭勇,施宁,林浒. 佳点集遗传算法及其在 PID 控制中的应用[J]. 计算机应用研究,2009,26(2):524-526

[5] 郭玉堂,罗斌,吕皖丽. 基于佳点集遗传算法的边缘检测[J]. 重庆大学学报,2008,31(8):902-907

[6] 苏守宝,刘仁金. 基于佳点集遗传算法的聚类技术[J]. 计算机应用,2005,25(3):643-645

[7] Kown Y D,Kown H W,Cho S W,et al. Convergence Rate of the Successive Zooming Genetic Algorithm Using Optimal Control Parameters[J]. WSEAS Trans. on Computers,2006,5(6):1200-1207

[8] 华罗庚,王元. 数论在近似分析中的应用[M]. 北京:科学出版社,1978

[9] Wen Xiulan, Xia Qingguan, Zhao Yibing. An Effective Genetic Algorithm for Circularity Error Unified Evaluation[J]. International Journal of Machine Tools & Manufacture,2006,46:1770-1777

[10] 刘守生,于盛林,丁勇,等. 一种变焦遗传算法[J]. 控制与决策,2002,17(S1):731-734

[11] 刘福才,潘江华,路立平,等. 一种改进的变焦遗传算法[J]. 信息与控制,2004,33(1):82-84

[12] 王高鹏,窦丽华,陈杰,等. 一种基于 PBIL 算法和变焦算法的混合算法[J]. 模式识别与人工智能,2009,22(1):1-7

[13] 雷英杰,张善文,李续武,等. MATLAB 遗传算法工具箱及应用[M]. 西安:西安电子科技大学出版社,2005