

# 一种多模态优化的多生境遗传算法<sup>①</sup>

郑 敏, 高俊波

(上海海事大学 信息工程学院, 上海 201306)

**摘 要:** 针对目前多模态优化存在无法找到全部局部极值解的问题, 提出了一种改进的多生境遗传算法. 该算法在基于淘汰相似机制的多生境遗传算法中引入了预选择机制, 并对自适应交叉概率算子和变异概率算子进行了改进, 根据群体适应度值的大小来动态调整个体的交叉概率和变异概率大小, 并将该算法用于 Shubert 函数的求解, 实验结果表明该方法较之前的多生境遗传算法能够有效的搜寻出全部局部极值, 并具有较快的搜索速度. 同时, 该方法在其他的多峰函数求解上具有通用性.

**关键词:** 多模态; 优化; 多生境遗传算法; 预选择; 淘汰相似机制

## Improved Niche Genetic Algorithm for Multimodal Optimization

ZHENG Min, GAO Jun-Bo

(College of Information Engineering, Shanghai Maritime University, Shanghai 201306, China)

**Abstract:** This paper presents an improved niche genetic algorithm applied to multimodal function optimization for finding all the extreme solutions. This algorithm is pre-selected niche based and similarity based on the mechanism of eliminating the niche combination. We improve the adaptive crossover operator and mutation operator according to the probability, crossover probability and mutation probability the fitness value to dynamically adjust the individual. And the algorithm is used to solve a typical multi peak, the experimental results show that the niche genetic algorithm can search all the multimodal functions' optimal solutions and extreme solutions, and has faster search speed. At the same time, this method is universal in the multi peak function for the other.

**Key words:** multi modal; optimization; niche genetic algorithm (NGA); pre-selected; mechanism of eliminating the similar

多模态优化就是一种要求找出全局最优解和全部局部极值解以备实际中使用的技术<sup>[1]</sup>, 该问题广泛存在于科学研究和生产应用中. 一般的智能优化算法只能寻找到一个全局最优解, 必须与拥挤模型、适应度共享机制<sup>[2]</sup>等多生境模型结合使用才有机会找到全部极值解.

多生境遗传算法可以很好的保持种群的多样性, 具有较高的全局搜索能力和收敛速度, 适合用于解决多峰函数的优化问题<sup>[3]</sup>. 但是该方法在峰值点附近区域, 仍然存在着局部搜索能力较弱和搜索速度较慢的缺陷; 另外对于多生境参数的确定也没有明确的准则, 只能根据经验确定; 且没有统一的标准来有效度量种群的多样性, 算法为了维持种群的多样性而减慢了优

化收敛速度. 黄聪明、陈湘秀采用了自适应策略即采用自适应交叉和自适应的变异, 并在变异中引入了梯度的概念. 由实验结果可知, 改进后的多生境遗传算法能够有效的克服早熟, 提高了搜索能力, 使群体更快的收敛于全局最优解. 虽然改进后的多生境遗传算法全局寻优的步数明显少于常规的方法, 并没有对算法求出的全局最优解的准确度进行分析. 谭艳艳、许峰采用了基于适应值共享的多生境拥挤遗传算法, 该方法维持了种群的稳定性、收敛到全局最优解、跳出局部最优解的能力有了较大的提高, 但是在一定程度上却增加了算法的时间复杂度.

为此, 本文在基于淘汰相似机制的多生境遗传算法中引入预选择<sup>[4]</sup>机制, 同时对交叉算子和变异算子

① 收稿时间:2014-02-18;收到修改稿时间:2014-03-14

进行了改进, 并将该方法用于 Shubert 函数的求解. 从对该函数极值搜索结果来看, 该方法能有效的改进小生境遗传算法的局部搜索能力, 且在搜索效率方面也有很好的提升.

### 1 小生境技术

小生境技术就是将每一代个体划分为若干类, 每个类中选出若干适应度较大的个体作为一个类的优秀代表组成一个群, 再在种群中, 以及不同种群之间, 杂交, 变异产生新一代个体群. 小生境技术包括基于预选择的小生境实现方法、基于排挤模型的小生境实现方法、基于共享函数的小生境实现方法等.

基于淘汰相似结构的小生境遗传算法是在基本遗传算法的基础上增加小生境淘汰运算, 通过引入罚函数的方法淘汰个体的适应度值, 并淘汰结构相似的个体, 使个体之间保持一定的距离, 从而造就了各个不同的小生境进化环境, 提高了全局搜索能力, 维护了群体的多样性<sup>[5]</sup>.

但是由于复杂问题解空间的高度非线性, 如何构造更合理的小生境是非常有必要的. 我们在淘汰相似结构机制中引入了预选择机制, 即在父代与子代个体之间引入竞争机制, 只有当子代个体的适应度值高于父代个体的情况下, 子代个体才可以替换掉相似的父代个体, 否则父代个体仍保留在下一代群体中. 由于子代和父代个体之间的编码结构有相似性, 所以该方法替代掉的只是一些编码结构相似的个体, 故它能有效地维持种群多样性, 并造就小生境的生存环境.

### 2 算法思想及描述

本文提出了一种改进的小生境遗传算法, 该算法首先对小生境的构成采取了预选择的机制, 然后引入罚函数淘汰个体的适应度值, 并淘汰结构相似的个体, 保持了群体的多样性. 同时对交叉算子和变异算子进行了改进, 使得交叉不但能不断开辟新的搜索空间, 而且能保证子代个体的高质量, 提高了算法的搜索性能, 算法流程图如图 1 所示.

算法的具体实现步骤如下:

#### (1) 种群初始化

因为遗传算法不能直接处理解空间数据, 所以通过编码把解空间数据转变为能够遗传操作的基因串的结构<sup>[6]</sup>. 随机产生 N 个初始串结构数据, 每个串结构数

据被称为一个个体, N 个个体构成了一个群体; 再以 N 个串结构作为初始点进行迭代, 设置进化代数计数器和最大的进化代数. 由于个体编码串的长度较短时可能达不到精度的要求, 而个体的编码串的长度较大时, 虽然提高了编码的精度, 但会使遗传算法的搜索空间急剧的增大, 所以对个体编码串长度的确定很重要. 这里我们令每个个体的二进制编码长度为  $GL \cdot VN + VN$ , 其中 M 为种群个数, GL 为个体的编码长度, VN 为自变量的个数.

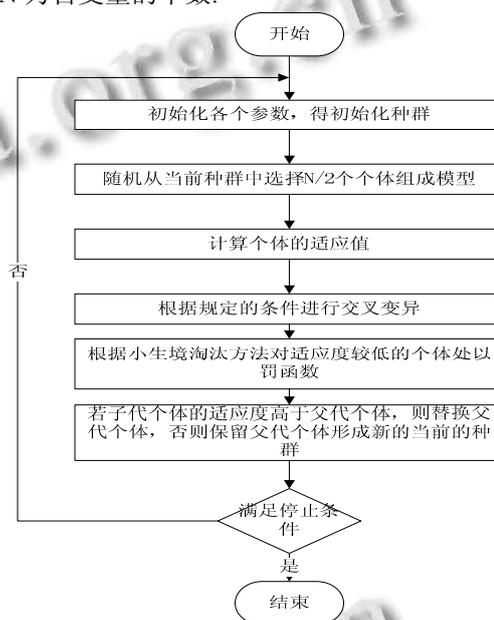


图 1 改进的小生境遗传算法流程图

#### (2) 适应度函数的构造

在研究自然生物遗传和进化现象时, 生物学家使用适应度来衡量无中的对环境的适应程度. 遗传算法在进化搜索过程中不利用外部信息, 仅以适应度函数作为寻优依据, 利用种群中每个个体的适应度值来进行搜索.

在实际应用中, 适应度函数的设计应根据具体的问题来定. 适应度是评价个体好坏的一个重要的标准, 表明了个体和解的优劣性, 它指明了个体进化的方向. 适应度函数设计标准是规范性(单值、连续、严格单调)、合理性(计算量小)、通用性. 要能够反映对应解的优劣程度, 并尽可能具有通用性, 设计要尽量简单<sup>[7,8]</sup>. 根据以上各种条件对适应度函数进行以下设计. 适应度函数如下所示:

$$f(x_1, x_2) = \begin{cases} 1 + 0.01 * f_s(x_1, x_2) & (f_s(x_1, x_2) < 0) \\ 1 & (f_s(x_1, x_2) \geq 0) \end{cases} \quad (1)$$

其中  $f(x_1, x_2)$  为个体的适应度,  $f_s(x_1, x_2)$  为 Shubert 函数在  $x_1, x_2$  坐标上对应的函数值. 在计算过程中, 计算目标函数, 根据函数值向适应值的映射函数, 来计算个体的适应度值大小.

### (3) 选择

本文采用了预选择机制, 仅当新产生的子代个体的适应度超过父代个体时, 所产生的子代个体才能替换其父代个体而被遗传到下一代中, 否则仍然保留下来. 其中, 子代个体和父代个体结构比较相似, 所以替换结构相似的个体后还是能有效的维持种群的多样性.

### (4) 交叉

常规的小生境遗传算法交叉概率都为常数一般取 0.4~0.9, 群体任何的个体都是以同等的概率被交叉, 这样不能保证群体的优化程度. 在进化的过程中, 根据适应度值大小来调整交叉算子大小<sup>[9]</sup>. 对于适应度比较低的个体, 交叉概率比较大, 从而可以迅速对整个群体进行优化. 而在进化的后期, 个体的适应度都接近平均水平, 这时交叉概率较小, 从而保留最优个体给下一代. 本文的交叉算子设计如下:

$$\begin{cases} p_c(k) = 0.8 - 0.3 \left( 1 - \frac{f(k)}{f_{avg}} \right)^{\frac{1}{2}} & f(k) \leq f_{avg} \\ p_c(k) = 0.8 & f(k) > f_{avg} \end{cases} \quad (2)$$

式中,  $p_c(k)$  为第  $k$  个个体的交叉概率,  $f_{avg}$  当代种群的平均适应度,  $f(k)$  为  $k$  个个体的适应度. 进化过程中, 个体的适应度值低于平均水平的个体, 希望有较大的交叉概率. 随着种群的进化, 种群的平均适应度也逐渐增大, 个体的适应度值逐渐趋向与平均水平. 这样的个体以较小的固定的概率进行交叉, 从而保持群体的优化性.

### (5) 变异

常规的小生境遗传算法变异概率都取  $p_m=0.01\sim 0.1$  之间, 变异概率一般取值比较小. 然而种群中群体的变异概率都是相同的, 对于适应度值较大的个体可能被变异. 为了保持群体的整体优化, 在进化的过程中, 适应度低于平均水平的个体则变异概率较高, 对于适应度较高的个体则以较小概率进化. 设计一种变异概率函数  $p_m(k)$  如下,

$$\begin{cases} p_m(k) = p_m - \frac{0.05(f(k) - f_{avg})}{f_{max} - f_{avg}} & f(k) \leq f_{avg} \\ p_m(k) = p_m & f(k) > f_{avg} \end{cases} \quad (3)$$

式中  $p_m(k)$  为第  $k$  个个体的变异概率, 在变异操作中, 对于适应度值低于平均水平的个体, 希望它的变异概率较大, 对于适应度值较大的个体则以较小固定的概率进行变异, 这样不容易破坏整个群体的优化, 能够进行局部寻优, 也有利于搜索出最优点.

### (6) 小生境淘汰方法

在每一代的群体中, 首先比较两两个体之间的距离. 若这个距离是在预先指定的距离  $L$  之内, 然后再比较二者之间的适应度值, 并对其中的适应度值较低的个体施加较强的罚函数<sup>[10]</sup>, 降低其适应度值. 这样对于在预先制定的距离为  $L$  的二个体, 其中经过处理的个体在以后的进化过程中被淘汰的概率比较大. 根据 De Jong 的排挤原理, 这样就可以实现小生境的进化环境, 从而维持了群体的多样性, 并使得群体在空间内能够分散开来.  $X_i$  和  $X_j$  之间的海明距离求法如下:

$$\|X_i - X_j\| = \sqrt{\sum_{k=1}^M (X_{ik} - X_{jk})^2} \quad \begin{cases} i = 1, 2, \dots, M+M-1 \\ j = i+1, \dots, M+N \end{cases} \quad (4)$$

式中,  $M$  表示染色体的长度. 当  $\|X_i - X_j\| < L$ , 比较个体之间的适应度大小, 对于适应度值较低的个体处罚函数  $P$ .

## 3 实验结果与分析

我们将改进的小生境遗传算法应用于 Shubert 函数测试, 并与其他遗传算法性能进行了比较.

测试函数如下:

$$\begin{aligned} \min f_s(x_1, x_2) = & \left\{ \sum_{i=1}^5 i \cos[(i+1)x_1 + i] \right\} \\ & \times \left\{ \sum_{i=1}^5 i \cos[(i+1)x_2 + i] \right\}, -10 \leq x_i \leq 10, i=1, 2 \end{aligned} \quad (5)$$

这是一个多峰值函数, 在其定义域内它总共有 760 个局部最小点, 其中有 18 个点是全局最小点, 全局最优点的目标函数值  $f_s(x_1, x_2) = -186.7309$ . 该函数的曲线如图 2 所示.

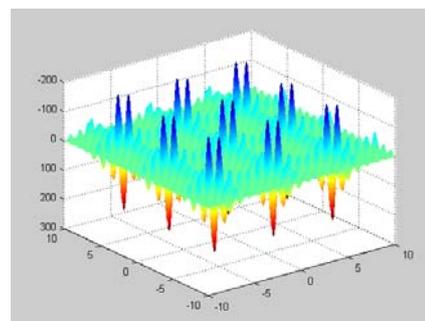


图 2 Shubert 函数三维图

实验中, 测试种群的规模为 200, 个体的编码长度为 20,  $p_m$  为 0.05,  $p_c$  为 0.8, 罚函数  $P=1.0e-030$ , 小生境之间的距离为  $L=0.5$ , 最大迭代次数为 500 次.

共重复进行了 50 次实验, 每次基本上都能收敛到全局最优点, 结果如下表所示. 该表是用改进的小生境遗传算法优化 Shubert 函数运行得到最好的 18 个  $x_1$  和  $x_2$  坐标以及其对应的函数值. 限于篇幅, 只选用了 2 组实验结果. 表 1 得出了比较准确的最小值点有 15 个, 其它 3 个点比较接近最小值点, 表 2 得出比较准确的最小值点有 13 个, 其它 5 个点比较接近最小值点. (接近最小值图中用红点表示, 误差在  $10^{-4}$ ). 算法的迭代过程如图 3 所示, 横坐标为迭代次数, 纵坐标为函数值, 在迭代到第 58 次时, 计算结果趋向稳定.

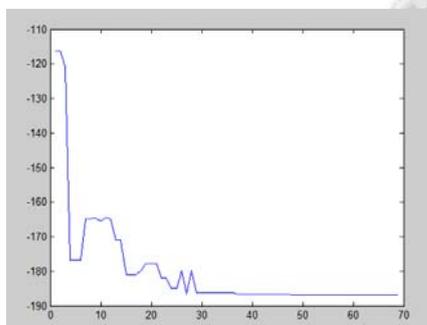


图 3 算法迭代过程图

表 1 Shubert 函数运行结果

编号	自变量	自变量	函数值
1	4.8571	5.4829	-186.7288
2	4.8571	-0.8003	-186.7288
3	4.8571	-7.0853	-186.7288
4	5.4829	-1.4251	-186.7309
5	5.4829	4.8581	-186.7309
6	-7.7083	5.4829	-186.7309
7	-7.7083	-0.8003	-186.7309
8	-7.7083	-7.0835	-186.7309
9	5.4829	-7.7083	-186.7309
10	-0.8003	-1.4251	-186.7309
11	-1.4251	5.4829	-186.7309
12	-0.8003	4.8581	-186.7309
13	-7.0835	-1.4251	-186.7309
14	-7.0835	4.8581	-186.7309
15	-1.4251	-0.8003	-186.7309
16	-1.4251	-7.7083	-186.7309
17	-0.8003	-7.7083	-186.7309
18	-7.0835	-7.7083	-186.7309

根据表 1 得出的坐标作出的 18 个全局极小值点如图 4 所示:

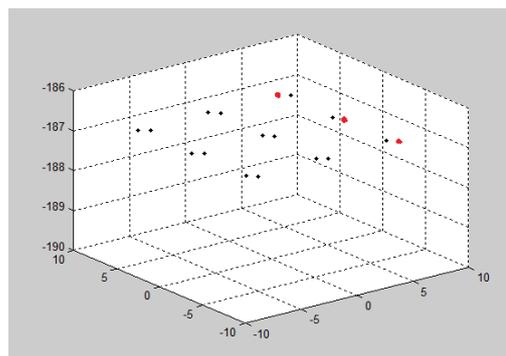


图 4 Shubert 函数 18 个全局最小点示意图

表 2 Shubert 函数运行结果 2

编号	自变量	自变量	函数值
1	-1.4238	-0.8011	-186.7256
2	-1.4238	-7.0835	-186.7269
3	-1.4238	5.4829	-186.7269
4	-7.7083	-0.8011	-186.7269
5	4.8581	-0.8011	-186.7269
6	5.4829	4.8481	-186.7309
7	5.4829	-7.7083	-186.7309
8	5.4829	-1.4251	-186.7309
9	-7.0835	4.8581	-186.7309
10	-0.8003	4.8581	-186.7309
11	-7.0835	-7.7083	-186.7309
12	-0.8003	-7.7083	-186.7309
13	-7.0835	-1.4251	-186.7309
14	-7.7083	-7.0835	-186.7309
15	-7.7083	5.4829	-186.7309
16	-0.8003	-1.4251	-186.7309
17	4.8581	-7.0835	-186.7309
18	4.8581	5.4829	-186.7309

根据表 2 得出的坐标作出的 18 个全局极小值点如图 5 所示:

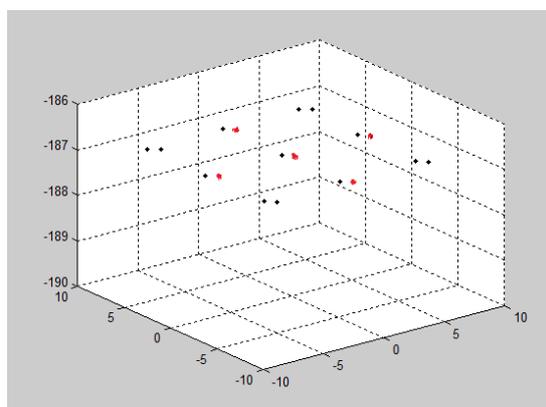


图 5 Shubert 函数 18 个全局最小点示意图

在同样的实验条件下分别对遗传算法和传统小生

境遗传算法做对比实验. 表三是遗传算法的一组实验结果, 图 6 为其对应的全局极小值点示意图. 表四是传统小生境遗传算法的一组实验结果, 图 7 为其对应的全局极小值点示意图. 由数据可知二种算法都只能找到很少比较精确的值.

表 3 Shubert 函数运行结果 3

编号	自变量	自变量	函数值
1	-7.0828	-1.4077	-186.0197
2	-0.8003	-1.4077	-186.0208
3	5.4829	-1.4077	-186.0208
4	-7.0828	-7.7100	-186.7235
5	-0.8004	-7.7100	-186.7245
6	5.4829	-7.7100	-186.7245
7	-7.0828	4.8573	-186.7286
8	-0.8004	4.8573	-186.7296
9	5.4829	4.8573	-186.7297
10	-7.7083	-0.8008	-186.7303
11	4.8581	-0.8008	-186.7303
12	-1.4251	-0.8008	-186.7303
13	-7.7083	-7.0835	-186.7309
14	4.8581	-7.0835	-186.7309
15	-1.4251	-7.0835	-186.7309
16	-7.7083	5.4829	-186.7309
17	4.8581	5.4829	-186.7309
18	-1.4251	5.4829	-186.7309

根据表 3 得出的坐标作出的 18 个全局极小值点如图 6 所示:

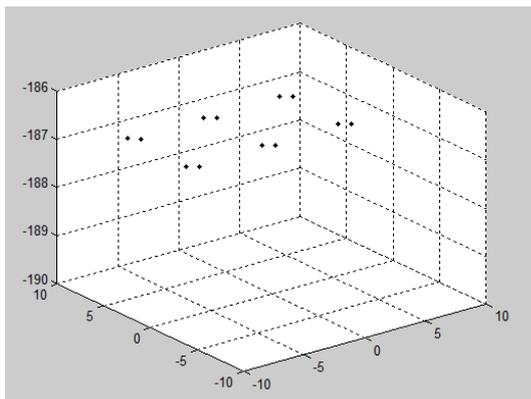


图 6 Shubert 函数 18 个全局最小点示意图

表 4 Shubert 函数运行结果

编号	自变量	自变量	函数值
1	-7.0828	-1.4077	-186.0197
2	-0.8003	-1.4077	-186.0208
3	5.4829	-1.4077	-186.0208

4	-7.0828	-7.7100	-186.7235
5	-1.4208	-7.0835	-186.7112
6	-1.4280	-0.8003	-186.7205
7	5.4829	-1.4235	-186.7250
8	-7.0835	-1.4235	-186.7250
9	-0.8003	-1.4235	-186.7250
10	4.8581	5.4835	-186.7300
11	4.8582	-7.0835	-186.7309
12	4.8582	-0.8003	-186.7309
13	5.4829	-7.7083	-186.7309
14	5.4829	4.8581	-186.7309
15	-7.0835	-7.7083	-186.7309
16	-0.8003	-7.7083	-186.7309
17	-7.0835	4.8581	-186.7309
18	-0.8003	4.8581	-186.7309

根据表 4 得出的坐标作出的 18 个全局极小值点如图 7 所示:

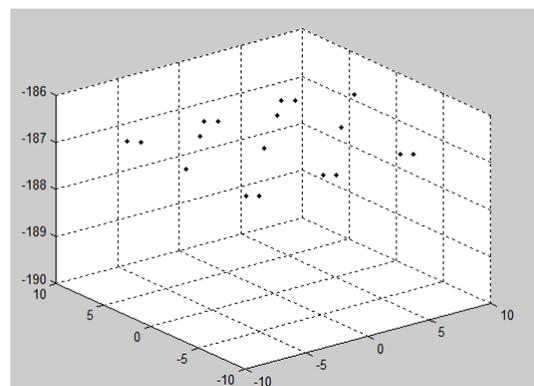


图 7 Shubert 函数 18 个全局最小点示意图

对算法性能进行分析, 为了排除算法优化时的偶然性, 共进行了 50 组的实验. 这样能够反映算法的平均水平. 其中表 5 列出了, 改进的小生境遗传算法、普通遗传算法、传统小生境遗传算法满足进化终止条件时停止进化所需要的平均的迭代次数, 以及搜索出最小值个数占总个数的平均比率.

表 5 三种算法平均性能比较

序号	算法	平均迭代数	平均比率%
1	改进的小生境遗传算法	96	66
2	遗传算法	458	6.7
3	传统小生境遗传算法	198	35.7

由表 5 可以看出, 算法 1 的平均迭代次数明显少于算法 2 和算法 3, 算法 2 有时会陷入局部极小值点, 直到算法终止都没能跳出局部极小点. 算法 3 搜索效率很低, 能搜索出全局最优值的概率比较低. 故采用

改进的小生境遗传算法对 Shubert 函数进行寻优, 平均迭代次数明显少于遗传算法和传统小生境遗传算法, 准确率比较高。

#### 4 结语

本文在淘汰相似结构机制中引入预选择机制, 能够淘汰结构相似的个体, 使各个个体之间保持一定的距离, 维护了群体的多样性, 并提高了全局搜索能力。同时对交叉算子和变异算子进行了改进, 使交叉概率和变异概率能动态的调整。从多峰函数的优化的实验结果来看: 改进的小生境遗传算法具有很强的全局搜索能力和收敛速度, 搜索全局最优值个数很多, 其与遗传算法和传统小生境遗传算法相比, 是一种寻优效率和准确率比较高的优化算法。

#### 参考文献

- 1 Gan J, Warwick K. A genetic algorithm with dynamic Niche clustering for multi modal function optimization. Proc. of the IEEE Conference on Evolutionary Computation. Piscataway, USA. 2001. 215-222.
- 2 郑士芹,王秀峰.基于多模态函数优化的改进克隆选择算法. 计算机工程与应用,2006,42(3):15-18.
- 3 龚纯,王正林.精通 MATLAB 最优化计算.北京:电子工业出版社,2009.
- 4 赵亚琴,周献中.一种基于小生境遗传算法的中文文本聚类新方法.计算机工程,2006,32(6):206-208.
- 5 朱筱蓉,张兴华.基于小生境遗传算法的多峰函数全局优化研究.南京工业大学学报,2006,28(3):39-43.
- 6 周明,孙树栋.遗传算法原理及应用.北京:国防工业出版社,1999.
- 7 黄聪明,陈湘秀.小生境遗传算法的改进.北京理工大学学报,2004,24(8):675-678.
- 8 谭艳艳,许峰.基于适应值共享的多生境排挤遗传算法.计算机工程与应用,2009,45(5):46-49.
- 9 郑生荣,赖家美,刘国亮,唐刚.一种改进的实数编码混合遗传算法.计算机应用,2006,26(8):1959-1962.
- 10 张兆中,张问银.一种可实现精确优化的小生境遗传算法.计算机应用,2005,25(8):1903-1905.