

一种基于小生境的遗传算法及其应用*

潘中良¹, 熊银根²

(1. 华南师范大学物理系, 广东 广州 510631;
2. 中山大学无线电电子学系, 广东 广州 510275)

摘 要: 基本遗传算法在进行种群中个体的交配时采用的是一种随机方式, 在一定程度上会影响进化的性能, 提出一种基于小生境的遗传算法, 通过定义新的选择机制与变异策略, 能利用种群中个体的历史信息, 较好地维持群体的分布特性, 它可用于多峰函数(特别是变峰函数)的优化, 以获得目标函数的多个极值点, 文中详细给出了方法的具体实现步骤。

关键词: 遗传算法; 小生境; 多峰函数; 最优化

中图分类号: TP18; TM132 **文献标识码:** A **文章编号:** 0529-6579 (2001) 05-0044-04

遗传算法(GA)是一种基于生物界适者生存理论的自适应搜索技术, 其主要特点是群体搜索策略和群体中个体之间的信息交换, 算法的搜索过程不依赖于目标函数的梯度信息^[1~4], 目前它已成功地应用于组合优化、自动控制等许多领域^[5,6]。由于基本遗传算法所具有的特性, 用它进行优化时的结果将使群体中的个体集中到目标函数值最大的一个山峰上, 在实际应用中有时希望最终搜索到的优化点不是只在一个山峰上, 而是在多个峰上都有分布, 并且分布的多少和峰的高低成正比。这就要求种群保持一定程度的个体多样性, 这一点在基于遗传的机器学习等问题中也尤为重要^[2]。为此本文提出一种基于小生境的遗传算法, 通过使用一种新的选择和变异机制, 算法能较好地维持群体的分布特性, 在对多峰函数进行优化的实验结果表明, 算法的每一次运行都可以获得目标函数的多个极值点, 算法具有良好的性能。

1 算法原理与描述

在自然界“物以类聚, 人以群分”是一种司空见惯的现象, 生物总是倾向于与自己特征、性状相类似的生物生活在一起, 一般总是与同类交配繁衍后代。在生物学中, 把某种特定环境及其在此环境中生存的组织(organism)称为小生境(niche), 而把有共同特性的一些组织称作物种(species)。基本遗传算法是模拟生物界适者生存

原理的技术, 它在进行种群中个体的交配(交叉)时采用的是一种随机方式, 这虽然增加了对问题解空间的搜索能力, 但由于缺乏对可能的交配效果(子代的质量)方面的考虑, 也带来了交配的有效性以及优化效率不太理想等方面的问题。为解决这些问题, 在基本遗传算法中引入小生境技术例如在进行个体间的交配时需要考虑一定的条件, 即个体交配不完全是随机的, 已证明是一种较有效的方法^[1,4]。在此我们通过定义如下新的选择与变异机制, 提出了一种基于小生境的遗传算法, 该算法(算法1)的描述如下: 设种群规模为 N , 集合 $\varphi = \{1, 2, \dots, N\}$, 当前种群 $P(t)$ 中的个体为 x_i , x_i 的适值为 f_i , $i \in \varphi$, 参数 t 的取值为正整数或0。算法由如下7步组成: ①置 t 的初值为0; ②初始化种群 $P(t)$, 设置交配半径 γ , 变异概率 P_M ; ③评估 $P(t)$, 若当前种群中有个体满足给定条件, 则转第7步, 否则执行如下第4步; ④为当前种群中的每一个体 x_i 建立一存储指针 M_i ; ⑤对种群 $P(t)$ 中的个体执行选择、交叉与变异等遗传操作, 当执行交叉操作时, 仅当两个个体间的距离小于交配半径时才进行; ⑥置 $t = t + 1$; 转第3步; ⑦若当前种群中有个体满足给定条件或算法的迭代次数超过了预先确定的上限, 则算法结束。

算法1中 $P(t)$ 表示在 t 时刻的种群, $t = 0, 1, 2, \dots$ 。对种群 $P(t)$ 进行评估, 即是计算种群中每一个个体的适值或其它特征参数, 以检查当前

* 基金项目: 国家自然科学基金资助项目(60006002); 广东省自然科学基金资助项目(001172)

收稿日期: 2000-11-15; 作者简介: 潘中良(1966-), 男, 副研究员, 博士; 通讯联系人: 熊银根。

种群中的个体是否满足给定条件. 算法的第4步为每一个体 x_i 建立一存储指针 M_i , 这是指对每一个个体建立一个指针 (或数组), 用于存放与该个体有关的一些信息, 此外当在种群中去掉一个个体时, 也撤消其对应的存储指针. 算法1的遗传操作如下:

(1) 选择操作. 对 $P(t)$ 中的每一个个体 $x_i (i \in \varphi)$ 按如下方式在 $P(t)$ 中选择另一个个体 $x_j (j \in \varphi)$ 与之配对, x_j 被选择的概率 P_{ij} 定义为:

$$P_{ij} = f_j / \sum_{k=1}^N f_k$$

对已选出的个体 x_j , 如果它与 x_i 的距离小于交配半径 γ 且 $j \neq i$, 则将它与 x_i 进行交叉操作, 产生后代个体 (若 $j = i$, 则不进行两个个体的交叉). 交叉的方法采用一点交叉, 即随机设定一个交叉点, 然后互换两个体的一部分, 例如个体 A 为 11100011, 个体 B 为 10011000, 若交叉点选为第5位和第6位之间, 则新个体 (子串) 分别为: 11100000, 10011011.

如上这种选择方式的特点是: 种群中的每一个体都有权力作为父串, 并选择与之交叉的个体; 如果选择到的另一个体就是它自身, 则不进行交叉, 这就避免了自己与自己交配. 对 $P(t)$ 中 n 个个体中的每一个, 都执行如上的选择与交叉操作之后, 把由 $x_i (i \in \varphi)$ 作为父串与其它个体交叉所得到的全部新子串, 存入到与 x_i 相关的存储指针 M_i 中, 这里以 x_i 为父串的子串可能有多, 例如当前种群中的多个个体都可能选择 x_i 为父本; 然后从 M_i 中选出适值超过父串的一个个体替换 $P(t)$ 中的 x_i , 如果这种个体 (适值超过父串) 有多, 则随机选取一个; 如果 M_i 中所有子串的适值都低于父串 x_i 的适值, 则在种群中保留父串 x_i .

(2) 变异操作. 这可分为如下两步: ① 若 x_i 为当前种群 $P(t)$ 中的一个个体, 对 x_i 的每一基因座上的基因值按变异概率 PM 进行变异, 产生一个子串 z . 若子串 z 的适值大于个体 x_i 的适值, 且 z 与 x_i 的距离在交配半径之内, 则在种群中用子串 z 替换个体 x_i ; 反之则放弃子串 z ; ② 若当前种群 $P(t)$ 中的某一个体 (在连续 k_0 代 (k_0 为一预先给定的正整数) 的遗传操作中未发生变化, 则对个体 ζ 选择一基因座上的基因值进行变异, 选择这个基因座的方法如下: 用 $c_i (i = 1, 2, \dots, n)$ 表示个体 ζ 的 n 个基因座, c_i 上的基因值发生变异

的概率用 PC_i 表示, 并按如下的 (1) 式确定各 $PC_i (i = 1, 2, \dots, n)$ 的值, 以使得每一基因座上的基因值发生变异的概率可以不相同.

PC_n	PC_{n-1}	PC_2	PC_1
c_n	c_{n-1}	$\dots$	c_2
c_1			

$$\begin{cases} PC_n \leq PC_{n-1} \leq \dots \leq PC_2 \leq PC_1 \\ PC_n + PC_{n-1} + \dots + PC_2 + PC_1 = 1 \end{cases} \quad (1)$$

按如上已确定的各 PC_i 值进行一次随机试验, 选定一基因座, 并对其上的基因值进行取反操作, 如果个体的编码采用二进制形式, 这时即是“1”变为“0”, 或将“0”变为“1”, 从而产生一个子串 z_1 . 如果子串 z_1 的适值大于个体 ζ 的适值, 且 z_1 与 ζ 的距离在交配半径之内, 则接受子串 z_1 ; 否则放弃子串 z_1 , 在种群中仍保留个体 ζ . 如果子串 z_1 被接受, 则对 z_1 用经过调整后的各 PC_i 值进行下一次类似的变异操作, 产生子串 z_2 (各 PC_i 值的调整方法将随后说明). 若子串 z_2 的适值大于子串 z_1 的适值, 且 z_2 与 z_1 在交配半径之内, 则对 z_2 用经过再一次调整的各 PC_i 值进行变异操作, 产生子串 z_3 ; 若子串 z_2 不被接受, 则用子串 z_1 取代当前种群中的个体 ζ .

这样, 从个体 ζ 开始, 按这种变异方式, 要么不产生可接受的子串, 要么产生可接受的 k 个子串: $z_1, z_2, \dots, z_k$, 这里 k 的取值范围是 $1 \leq k \leq n$, 此时用子串 z_k 取代种群 $P(t)$ 中的个体 ζ , 并将 $PC_i (i = 1, 2, \dots, n)$ 的值重新恢复到由 (1) 式确定的初始状态. 变异概率 PC_i 值的调整方法为: 设将 PC_k 的值调整为 QC_k , 第一次调整时, $PC_k (3 \leq k \leq n)$ 的值不变, PC_1, PC_2 的值调整为 QC_1 和 QC_2 , $QC_1 = PC_1 - PC_2, QC_2 = 2PC_2$. 如此下去, 第 β 次 ($2 \leq \beta \leq n$) 调整时是在第 $\beta - 1$ 次调整的基础上, 使 $QC_{\beta-1} = PC_{\beta-1} - PC_{\beta}, QC_{\beta} = 2PC_{\beta}$.

在变异操作的第②步对个体 ζ 进行变异时, 考虑它未发生变化的遗传次数是以 k_0 次为基本单位. 例如若个体 ζ 在连续的 μk_0 代未发生变化 (μ 为一正整数), 则对 ζ 已进行的变异操作是发生在相关的 $k_0, 2k_0, \dots, \mu k_0$ 代, 对 ζ 进行变异操作的总次数为 μ 次. 这里的变异操作有如下特点: 步骤①与基本遗传算法的变异算子的功能相似, 它可使算法具有一定程度的大范围搜索能力; 步骤②使算法具有一定的局部搜索能力, 当个体已接近最优解的邻域时可利用这种搜索加速向极

值点收敛;同时也可在一定程度上防止个体的早熟.

2 对多峰函数的遗传优化

我们选取了多个等峰、变峰的多极值点函数进行了实验,并与 Goldberg 等方法进行了比较.下面以函数 $h = \sin^4(5\pi x) / \exp[10(x - 0.1)/8]^2$, $x \in [0, 1]$ 为例作说明.它有 5 个极值点 $x_1 = 0.1$, $x_2 = 0.3$, $x_3 = 0.5$, $x_4 = 0.7$, $x_5 = 0.9$. 在实验中把算法 1 和典型的 Goldberg 方法^[1,2]进行了比较,Goldberg 方法是把遗传算法用于多峰函数优化的典型算法之一,它的主要特点是定义一种共享函数来确定种群中每个个体的共享度,并对个体的适值作一定调整.在实验中我们是根据目标函数的参数值实现共享,使用了下面的共享函数及适值调整方式.设个体 x_i 的适值为 $f(x_i)$, u_i 和 u_j 分别是当前种群 $P(t)$ 中的两个个体 x_i 与 x_j 对应的实数值,令 $d_{ij} = |u_i - u_j|$,定义个体 x_i 与 x_j 间的共享函数 $S(d_{ij})$ 为:当 $d_{ij} = 0$ 时 $S(d_{ij}) = 1$;当 $0 < d_{ij} \leq \omega$ 时 $S(d_{ij}) = 1(d_{ij}/\omega)$;当 $d_{ij} > \omega$ 时 $S(d_{ij}) = 0$. 这里 ω 为常数.把个体 x_i 的适值从 $f(x_i)$ 调整为 $g(x_i)$:

$$g(x_i) = f(x_i) / \sum_{j=1}^N S(d_{ij})$$

式中, N 为种群规模.实验时取“变异概率” P_M 的值为 0.001,取“交配半径”的值为 0.10.当取种群规模分别为 40, 60, 80(对 Goldberg 算法还分别取共享参数 ω 为 0.1, 0.05, 0.05),用算法 1 得到的极值点分别为 4.8 个, 5 个和 5 个;而用 Goldberg 算法得到的极值点分别为 1.9 个, 2.5 个和 2.8 个.这里的极值点数目是算法在重复运行 50 次之后,对求得的极值点数目作统计,得到的算法每一次运行获得极值点数的平均值.当种群规模 $N = 40$ 时,算法 1 的 50 次运行中有 4 次未能获得函数 h 的全部极值点,这 4 次获得的极值点情况为: $\{0.1, 0.3\}$ 2 次、 $\{0.1, 0.3, 0.5\}$ 1 次、 $\{0.1, 0.3, 0.5, 0.7\}$ 1 次.

结果表明,算法 1 能使种群中的个体分布到目标函数的极值点附近,算法 1 的一次寻优过程,就能获得目标函数的绝大多数极值点,其性能优于典型的 Goldberg 方法.为进一步提高算法

1 的计算效率,在确定初始种群时可以根据对目标函数固有的知识,选定种群的个体,或先随机生成一定数目的个体,然后从中挑选性能较好的一些个体加入到初始种群;选择个体间的交配半径 γ 时,可由目标函数可能存在的极值点数目(这只能是一种预测值),及变量所属区域的大小来确定它的值,例如对目标函数为单变量的情形,若变量所属区间长度为 L ,目标函数可能存在的极值点数为 R ,则可选择交配半径 $\gamma \leq L/R$.当然也可直接选取较小值的交配半径 γ 用算法进行寻优,而不管目标函数的具体形式.

此外,用算法 1 求多峰函数的极值点,由于编码的关系,获得的可能只是极值点的近似值,为获得极值点的精确值,可把算法 1 得到的极值点作为初始值,采用确定性方法(如梯度法等)做进一步地寻优.由于多峰函数极值点分布的复杂多样,事实上算法 1 和 Goldberg 算法等方法只限于在给定的区域目标函数极值点数目较少的场合使用,对于在给定的变量取值区域中目标函数的极值点数目非常多的情形,应用算法 1 之前可将变量的取值区域划分为多个小区间,然后分别在每一个小区间内使用,采用这种分而治之的策略,能在一定程度上提高方法的效率.

参考文献:

- [1] 陈国良.遗传算法及其应用[M].北京:人民邮电出版社,1996.
- [2] 田盛丰.人工智能原理与应用[M].北京:北京理工大学出版社,1993.
- [3] RUDOLPH G. Convergence analysis of canonical genetic algorithms[J]. IEEE Trans on Neural Network, 1994, 5(1):96-101.
- [4] FOGEL. An introduction to simulated evolutionary optimization[J]. IEEE Trans on Neural Network, 1994, 5(1):3-14.
- [5] JACK L B, NANDI A K. Genetic algorithms for feature selection in machine condition monitoring with vibration signals[J]. IEEE Proceedings Vision, Image and Signal Processing, 2000, 47(3):205-212.
- [6] SONG S K, GORLA N. A genetic algorithm for vertical fragmentation and access path selection[J]. The Computer Journal, 2000, 43(1):81-92.

(下转第 51 页)

of DCT[J]. IEEE Transaction on Consumer Electronics, 2000, 46(1):87–93.

marks in DC components[J]. IEEE Trans on Circuits and Systems for Video Technology, 2000, 10(6):974–979.

[12] HUANG J W, SHI Y Q, SHI Y. Embedding image water-

An Information Hiding Algorithm for Color Images Using the Luminance Component

CHENG Wei-dong¹, LIU Hong-mei²

(1. Department of Electronics, Chengdu University of Information Technology, Chengdu 610041, China;

2. Department of Electronics, Zhongshan University, Guangzhou 510275, China)

Abstract: An information hiding algorithm for color images using the luminance component is proposed. This algorithm not only can hide data as many as 2048 bytes, but also can implement blind extraction of the hidden information without resorting to the original image and any side information. The proposed algorithm adopts error-correcting coding and data interleaving techniques to improve the performance of resisting diverse attacks. The algorithm trades off the conflict of invisibility and robustness of the invisible watermark well. The experimental results show that the hidden watermark is robust to most attacks in StirMark.

Keywords: blind extraction; color image watermarking; robustness; StirMark

(上接第 46 页)

A Niche – based Genetic Algorithm for the Optimization of Multimodal functions

PAN Zhong-liang¹, XIONG Yin-gen²

(1. Department of Physics, South China Normal University, Guangzhou 510631, China;

2. Department of Electronics, Zhongshan University, Guangzhou 510275, China)

Abstract: A genetic algorithm based on niche is proposed, it can efficiently exploit the historical information to speculate on new search points. The new operators of selection and mutation are designed in the algorithm under the principles of niche. The implement approaches with the genetic algorithm for multimodal function which have several local optimal solutions are introduced. The simulation results demonstrate that the niche-based algorithm is effective.

Keywords: genetic algorithm; niche; multimodal function; optimization